

**PCT**WELTORGANISATION FÜR GEISTIGES EIGENTUM  
Internationales BüroINTERNATIONALE ANMELDUNG VERÖFFENTLICHT NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE  
INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS (PCT)

<b>(51) Internationale Patentklassifikation <sup>6</sup> :</b> <b>C12N 15/12, C07K 14/47, 16/18, C12N 1/21, 5/10, 15/10, 15/62, 15/70, 15/79, C12Q 1/68, G01N 33/68, A61K 38/17, 48/00</b>	<b>A2</b>	<b>(11) Internationale Veröffentlichungsnummer: WO 99/46375</b> <b>(43) Internationales Veröffentlichungsdatum:</b> 16. September 1999 (16.09.99)
<b>(21) Internationales Aktenzeichen:</b> PCT/DE99/00722 <b>(22) Internationales Anmeldedatum:</b> 9. März 1999 (09.03.99) <b>(30) Prioritätsdaten:</b> 198 11 194.0 10. März 1998 (10.03.98) <b>DE</b> <b>(71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten ausser US):</b> META-GEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63, D-14195 Berlin (DE). <b>(72) Erfinder; und</b> <b>(75) Erfinder/Anmelder (nur für US):</b> SPECHT, Thomas [DE/DE]; Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE). HINZMANN, Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE). SCHMITT, Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II, D-14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE]; Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-01474 Schönfeld (DE). DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore-Procheska-Strasse 6, D-14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE]; Koppenplatz 10, D-10115 Berlin (DE).	<b>(81) Bestimmungsstaaten:</b> JP, US, europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE).  <b>Veröffentlicht</b> <i>Ohne internationalen Recherchenbericht und erneut zu veröffentlichen nach Erhalt des Berichts.</i>	
<b>(54) Title:</b> HUMAN NUCLEIC ACID SEQUENCES FROM PROSTATE TISSUE <b>(54) Bezeichnung:</b> MENSCHLICHE NUKLEINSÄURESEQUENZEN AUS PROSTATAGEWEBE <b>(57) Abstract</b> <p>The invention relates to human nucleic acid sequences – mRNA, cDNA, genomic sequences – of normal prostate tissue which code for gene products or parts thereof, and to their use. The invention also relates to the polypeptides obtainable by way of said sequences and to their use.</p> <b>(57) Zusammenfassung</b> <p>Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen – mRNA, cDNA, genomische Sequenzen – aus normalem Prostatagewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren und deren Verwendung beschrieben. Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.</p>		

# **LEDIGLICH ZUR INFORMATION**

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

AL	Albanien	ES	Spanien	LS	Lesotho	SI	Slowenien
AM	Armenien	FI	Finnland	LT	Litauen	SK	Slowakei
AT	Österreich	FR	Frankreich	LU	Luxemburg	SN	Senegal
AU	Australien	GA	Gabun	LV	Lettland	SZ	Swasiland
AZ	Aserbaidshan	GB	Vereinigtes Königreich	MC	Monaco	TD	Tschad
BA	Bosnien-Herzegowina	GE	Georgien	MD	Republik Moldau	TG	Togo
BB	Barbados	GH	Ghana	MG	Madagaskar	TJ	Tadschikistan
BE	Belgien	GN	Guinea	MK	Die ehemalige jugoslawische Republik Mazedonien	TM	Turkmenistan
BF	Burkina Faso	GR	Griechenland	ML	Mali	TR	Türkei
BG	Bulgarien	HU	Ungarn	MN	Mongolei	TT	Trinidad und Tobago
BJ	Benin	IE	Irland	MR	Mauretanien	UA	Ukraine
BR	Brasilien	IL	Israel	MW	Malawi	UG	Uganda
BY	Belarus	IS	Island	MX	Mexiko	US	Vereinigte Staaten von Amerika
CA	Kanada	IT	Italien	NE	Niger	UZ	Usbekistan
CF	Zentralafrikanische Republik	JP	Japan	NL	Niederlande	VN	Vietnam
CG	Kongo	KE	Kenia	NO	Norwegen	YU	Jugoslawien
CH	Schweiz	KG	Kirgisistan	NZ	Neuseeland	ZW	Zimbabwe
CI	Côte d'Ivoire	KP	Demokratische Volksrepublik Korea	PL	Polen		
CM	Kamerun	KR	Republik Korea	PT	Portugal		
CN	China	KZ	Kasachstan	RO	Rumänien		
CU	Kuba	LC	St. Lucia	RU	Russische Föderation		
CZ	Tschechische Republik	LI	Liechtenstein	SD	Sudan		
DE	Deutschland	LK	Sri Lanka	SE	Schweden		
DK	Dänemark	LR	Liberia	SG	Singapur		
EE	Estland						

### **Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Prostatagewebe**

Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen -mRNA, cDNA, genomische Sequenzen- aus normalem Prostatagewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren und deren Verwendung.

Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.

Eine weit verbreitete Krebsart ist der Prostatakrebs, für dessen Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, die auf einer Blockierung von Hormonwirkungen beruhen, sind sehr häufig nach wenigen Jahren wirkungslos, da der Tumor hormonunabhängig wird, d. h. ohne Hormonwirkung weiterwächst und Metastasen bildet.

Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z.B. Unter- oder Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die experimentelle Herangehensweise sehr.

Für die Suche nach Kandidatengenen, d.h. Genen, die verglichen mit dem Tumorgewebe im normalen Gewebe stärker exprimiert werden, wird eine Datenbank verwendet, die aus sogenannten ESTs besteht.

ESTs (Expressed Sequence Tags) sind Sequenzen von cDNAs, d.h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also, die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von verschiedenen Betreibern z.T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel zwischen 150 und 350 Nukleotide lang. Sie representieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist ( > 2000 Nukleotide). Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und -proliferation wichtig sind (s. Fig. 1).

Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen der cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe. Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können.

Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebstyp assembliert werden, bevor die Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. Fig. 1, Fig. 2a und Fig. 3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich größeren Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene Fehler weitgehendst vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden Softwareprodukte gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1 - 2b4 dargestellt.

Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 2-4, 6-10, 12-14, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35-37, 39, 41-44, 46, 47, 49, 51-55, 58-64 und Seq. ID No 217-247 gefunden werden, die als Kandidatengene bei Prostatakrebs eine Rolle spielen.

Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID. No. 3, 4, 6-8, 12, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35, 37, 41-44, 46, 47, 49, 51, 53, 54, 58-64 und 217-247.

Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID. No. 3, 4, 6-8, 12, 16-35, 37, 41-44, 46, 47, 49, 51, 53, 54, 58-64 und 217-247,

b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen

oder

c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID. No. 3, 4, 6-8, 12, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35, 37, 41-44, 46, 47, 49, 51, 53, 54, 58-64 und 217-247 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 2-4, 6-10, 12-14, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35-37, 39, 41-44, 46, 47, 49, 51-55, 58-64 und 217-247, die im normalen Prostatagewebe erhöht exprimiert sind

Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID. No. 3, 4, 6-8, 12, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35, 37, 41-44, 46, 47, 49, 51, 53, 54, 58-64 und 217-247 hybridisieren.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 2500 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 2000 bp, insbesondere eine Länge von 400 bis 1900 bp auf.

Mit den erfindungsgemäßen Teilsequenzen Seq. ID. No. 3, 4, 6-8, 12, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35, 37, 41-44, 46, 47, 49, 51, 53, 54, 58-64 und 217-247 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.

In der Literatur sind ist eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.

Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs,  $\phi$ X174, pBluescript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, pNH46a (Stratagene), pTrc99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia), 2. eukaryontische, wie z. B. pWLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).

Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geeignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt, lambda P<sub>R</sub>, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.

Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die exprimiert wird.

Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie E. coli oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.

Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren.

Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen Seq. ID No. 66-71, 73-75, 82, 83, 90-93, 97-105, 109, 111-114, 116-124, 128-137, 139-149, 152, 154-165, 168-173, 183-195, 214-216 und bis Seq. ID No. 248-295.

Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der Seq. ID No. 66-71, 73-75, 82, 83, 90-93, 97-105, 109, 111-114, 116-124, 128-137, 139-149, 152, 154-165, 168-173, 183-195, 214-216 und bis Seq. ID No. 248-295 aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 66-71, 73-75, 82, 83, 90-93, 97-105, 109, 111-114, 116-124, 128-137, 139-149, 152, 154-165, 168-173, 183-195, 214-216 und bis Seq. ID No. 248-295 kodiert werden.

Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale Antikörper zu verstehen.

Die Erfindung betrifft auch Phage-Display Proteine, die gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 66-71, 73-75, 82, 83, 90-93, 97-105, 109, 111-114, 116-124, 128-137, 139-149, 152, 154-165, 168-173, 183-195, 214-216 und bis Seq. ID No. 248-295 kodiert werden.

Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen Seq. ID No. 66-71, 73-75, 82, 83, 90-93, 97-105, 109, 111-114, 116-124, 128-137, 139-149, 152, 154-165, 168-173, 183-195, 214-216 und bis Seq. ID No. 248-295 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Prostatakrebs verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.

Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 66-71, 73-75, 82, 83, 90-93, 97-105, 109, 111-114, 116-124, 128-137, 139-149, 152, 154-165, 168-173, 183-195, 214-216 und bis Seq. ID No. 248-295 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Prostata-Krebs verwendet werden können.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 66-71, 73-75, 82, 83, 90-93, 97-105, 109, 111-114, 116-124, 128-137, 139-149, 152, 154-165, 168-173, 183-195, 214-216 und bis Seq. ID No. 248-295 als  
5 Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Prostata-Krebses, bzw. zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung des Prostata-Krebses.

Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 66-71, 73-75, 82, 83, 90-93, 97-105, 109, 111-114, 116-124, 128-137, 139-149, 152, 154-165, 168-173, 183-195, 214-216 und bis Seq. ID No. 248-295 enthalten.  
10

Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.

15 Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID. No. 3, 4, 6-8, 12, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35, 37, 41-44, 46, 47, 49, 51, 53, 54, 58-64 und 217-247, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/ oder Enhancern.  
20

Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf  
25 Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone können als eigenständige Moleküle für  
30 den Gentransfer eingesetzt werden (s. Fig. 5).

Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 3, 4, 6-8, 12, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35, 37, 41-44, 46, 47, 49, 51, 53, 54, 58-64 und 217-247, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

### Bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen

Nukleinsäuren=	Unter Nukleinsäuren sind in der vorliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollständige cDNA und genomische Gene (Chromosomen).
ORF =	Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.
Contig=	Eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden können (Consensus).
Singleton=	Ein Contig, der nur eine Sequenz enthält.
Modul =	Domäne eines Proteins mit einer definierten Sequenz, die eine strukturelle Einheit darstellt und in unterschiedlichen Proteinen vorkommt
N =	wahlweise das Nukleotid A, T, G oder C
X =	wahlweise eine der 20 natürlich vorkommenden Aminosäuren

### Erklärung zu den Alignmentparametern

minimal initial match=	minimaler anfänglicher Identitätsbereich
maximum pads per read=	maximale Anzahl von Insertionen
maximum percent mismatch=	maximale Abweichung in %

### Erklärung der Abbildungen

Fig. 1	zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank.
Fig. 2a	zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung
Fig. 2b1-2b4	zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung
Fig. 3	zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben
Fig. 4a	zeigt die Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northern.



Fig. 4b zeigt den elektronischen Northern

Fig. 5 zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken.

5

### Beispiel 1

#### Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengen

10 Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-Datenbank  
15 aufgenommenen Sequenzen (Fails) wurden erst bei 1% mismatch und dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensussequenzen errechnet (s. Fig. 2a und 2 b1-2b4).

20 Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und mit den vorherigen Consensussequenzen sowie den  
25 Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Sequenzen abschließend bei 4% mismatch assembliert. Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den Singletons und Fails als Ausgangsbasis für die Gewebsvergleiche verwendet. Durch diese Prozedur konnte sichergestellt werden, daß unter den verwendeten Parametern sämtliche Sequenzen von einander unabhängige Genbereiche darstellten.

30 Fig. 2b1-2b4 veranschaulicht die Verlängerung der normal Prostata-Gewebe ESTs.

Die so assemblierten Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend mittels des gleichen Programms miteinander verglichen (s. Fig. 3). Hierzu wurden erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher war es wichtig,  
35 daß diese voneinander unabhängig waren.)

Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen. Das Ergebnis waren Sequenzen, die für das erste bzw. das zweite Gewebe spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde das Verhältnis der Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet.

40

Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens fünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden einem elektronischen Northern (s. Beispiel 2.1) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumor- und  
45 Normal-Geweben untersucht wurde (s. Fig. 4a und Fig. 4b). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs und allen ESTs öffentlicher Datenbanken verlängert (s. Beispiel 3). Anschließend wurden die Sequenzen und ihre Übersetzung in

mögliche Proteine mit allen Nukleotid- und Proteindatenbanken verglichen, sowie auf mögliche, für Proteine kodierende Regionen untersucht.

## 5     **Beispiel 2**

### **Algorithmus zur Identifikation und Verlängerung von partiellen cDNA-Sequenzen mit verändertem Expressionsmuster**

10     Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene erläutert werden. Die einzelnen Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. Fig. 4b).

#### **2.1     Elektronischer Northern-Blot**

15     Zu einer partiellen DNA-Sequenz *S*, z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig von ESTs, werden mittels eines Standardprogramms zur Homologiesuche, z. B. BLAST (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) *J. Mol. Biol.*, **215**, 403-410), BLAST2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schäffer, A. A., Zhang, J.,  
20     Zhang, Z., Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) *Nucleic Acids Research* **25** 3389-3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, D. J. (1988) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **85** 2444-2448), die homologen Sequenzen in verschiedenen nach Geweben geordneten (privaten oder öffentlichen) EST-Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) Gewebe-spezifischen Vorkommenshäufigkeiten  
25     dieser Partial-Sequenz *S* werden als elektronischer Northern-Blot bezeichnet.

## 2.1.1

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 10 gefunden, die 4x stärker im normalen Prostatagewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Die mögliche Funktion dieses Genbereiches betrifft humanes MVF-1.

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 10

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
15	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0040	0.0022	1.8347	0.5450
	Eierstock	0.0061	0.0052	1.1686	0.8557
	Endokrines Gewebe	0.0055	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef	0.0000
20	Gehirn	0.0017	0.0088	0.1935	5.1673
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
25	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0050	0.0024	2.1069	0.4746
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0030	0.0068	0.4342	2.3033
30	Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0095	0.0021	4.4745	0.2235
	Uterus	0.0017	0.0071	0.2321	4.3088
	Brust-Hyperplasie	0.0145			
35	Duennndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
40	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	FOETUS %Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
45	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
50	Lunge	0.0111			
	Niere	0.0124			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit				
55	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0000			
	Endokrines Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0082			
60	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0040			
	Prostata	0.0128			
	Sinnesorgane	0.0000			

## 2.1.2

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 18 gefunden, die 6x stärker im normalen Prostatagewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

5

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 18

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit N/T	T/N
10	Blase 0.0279	0.0026	10.9109
	Brust 0.0040	0.0022	1.8347
	Eierstock 0.0000	0.0026	0.0000
15	Endokrines_Gewebe 0.0018	0.0000	undef
	Gastrointestinal 0.0116	0.0000	undef
	Gehirn 0.0042	0.0033	1.2902
	Haematopoetisch 0.0014	0.0000	undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef
20	Hepatisch 0.0000	0.0065	0.0000
	Herz 0.0021	0.0000	undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef
	Lunge 0.0037	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0000	undef
25	Muskel-Skelett 0.0034	0.0000	undef
	Niere 0.0089	0.0000	undef
	Pankreas 0.0019	0.0055	0.3428
	Penis 0.0060	0.0000	undef
	Prostata 0.0119	0.0021	5.5932
30	Uterus 0.0033	0.0071	0.4642
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Duenn darm 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0030		
	Samenblase 0.0000		
35	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0017		
40	FOETUS		
	%Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Gehirn 0.0000		
45	Haematopoetisch 0.0039		
	Herz-Blutgefuesse 0.0000		
	Lunge 0.0000		
	Niere 0.0124		
50	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
	Brust 0.0272		
	Eierstock-Uterus 0.0000		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0012		
60	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0065		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0082		
65	Nerven 0.0020		
	Prostata 0.0192		
	Sinnesorgane 0.0000		

## 2.1.3

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 24 gefunden, die 5x stärker im normalen Prostatagewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Die mögliche Funktion dieses Genbereichs betrifft das Gegenstück eines unbekannten Gens Hefe Chromosom XVI.

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 24

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
	Blase	0.0000	0.0153	0.0000	undef
15	Brust	0.0120	0.0131	0.9174	1.0901
	Eierstock	0.0091	0.0208	0.4382	2.2819
	Endokrines_Gewebe	0.0146	0.0191	0.7655	1.3064
	Gastrointestinal	0.0233	0.0143	1.6285	0.6141
	Gehirn	0.0034	0.0077	0.4423	2.2607
20	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0149	0.0847	0.1762	5.6754
	Hepatisch	0.0000	0.0518	0.0000	undef
	Herz	0.0095	0.0275	0.3468	2.8832
	Hoden	0.0061	0.0234	0.2612	3.8288
25	Lunge	0.0100	0.0165	0.6020	1.6612
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0153	0.6300	1.5874
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0180	0.2855	3.5025
	Niere	0.0059	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0038	0.0221	0.1714	5.8337
30	Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef
	Prostata	0.0214	0.0043	5.0338	0.1987
	Uterus	0.0116	0.0142	0.8123	1.2311
	Brust-Hyperplasie	0.0182			
	Duenn darm	0.0093			
35	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
40					
	FOETUS %Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0307			
45	Gastrointestinal	0.0123			
	Gehirn	0.0125			
	Haematopoetisch	0.0118			
	Herz-Blutgefasse	0.0082			
50	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0140			
55					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit				
	Brust	0.0136			
	Eierstock-Uterus	0.0068			
60	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0032			
65	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0000			

## 2.1.4

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 30 gefunden, die 4x stärker im normalen Prostatagewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Die mögliche Funktion dieses Genbereichs betrifft das Gegenstück eines Gens von *thaliana* von *Caenorhabditis elegans*.

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 30

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
15	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0040	0.0022	1.8347	0.5450
	Eierstock	0.0152	0.0026	5.8431	0.1711
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0054	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0025	0.0044	0.5806	1.7224
20	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Lunge	0.0025	0.0024	1.0534	0.9493
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0095	0.0021	4.4745	0.2235
	Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duennndarm	0.0031			
35	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
40		FOETUS %Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0092			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
50	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
55		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
	Eierstock-Uterus	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
60	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
65	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0030			
	Prostata	0.0192			
	Sinnesorgane	0.0000			

## 2.1.5

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 43 gefunden, die 6x stärker im normalen Prostatagewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 43

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
10	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0120	0.0044	2.7521	0.3634
15	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines Gewebe	0.0018	0.0027	0.6698	1.4930
	Gastrointestinal	0.0058	0.0048	1.2214	0.8187
	Gehirn	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0122	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0012	0.0024	0.5267	1.8986
25	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
	Niere	0.0059	0.0068	0.8683	1.1517
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
30	Prostata	0.0119	0.0021	5.5932	0.1788
	Uterus	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0145			
	Duenn darm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse Blutkoerperchen	0.0035			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0031			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0037			
	Niere	0.0062			
50	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0137			
	Endokrines Gewebe	0.0000			
60	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0078			
65	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0050			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			



## 2.1.5

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 59 gefunden, die 5x stärker im normalen Prostatagewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 59

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
10	Blase	0.0093	0.0051	1.8185	0.5499
	Brust	0.0067	0.0022	3.0579	0.3270
15	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0091	0.0027	3.3489	0.2986
	Gastrointestinal	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0068	0.0088	0.7741	1.2918
20	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0183	0.0117	1.5671	0.6381
	Lunge	0.0062	0.0000	undef	0.0000
25	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0154	0.0180	0.8565	1.1675
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0057	0.0166	0.3428	2.9168
30	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0333	0.0064	5.2203	0.1916
	Uterus	0.0132	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0145			
35	Duennndarm	0.0125			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0131			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0123			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0123			
	Lunge	0.0148			
50	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0272			
	Eierstock-Uterus	0.0068			
60	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0082			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0000			
65	Haut-Muskel	0.0259			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0064			
	Sinnesorgane	0.0000			



## Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 3

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0093	0.0022	0.0022	0.0022	4.2811	0.2336
	Eierstock	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0109	0.0027	0.0027	0.0027	4.0187	0.2488
	Gastrointestinal	0.0039	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0068	0.0077	0.0077	0.0077	0.8847	1.1303
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0099	0.0065	0.0065	0.0065	1.5303	0.6535
	Herz	0.0064	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0061	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0050	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0030	0.0137	0.0137	0.0137	0.2171	4.6066
20	Pankreas	0.0019	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0120	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0095	0.0043	0.0043	0.0043	2.2373	0.4470
	Uterus	0.0017	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0036					
25	Duenn darm	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0059					
	Samenblase	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017					
		FOETUS					
		%Haeufigkeit					
35	Entwicklung	0.0154					
	Gastrointestinal	0.0031					
	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0082					
40	Lunge	0.0000					
	Niere	0.0062					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit					
45	Brust	0.0136					
	Eierstock-Uterus	0.0068					
	Endokrines_Gewebe	0.0245					
50	Foetal	0.0035					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0162					
55	Hoden	0.0156					
	Lunge	0.0000					
	Nerven	0.0030					
	Prostata	0.0192					
	Sinnesorgane	0.0000					

## Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 4

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0051	1.8185	0.5499
	Brust	0.0053	0.0022	2.4463	0.4088
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1686	0.8557
	Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0008	0.0055	0.1548	6.4591
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0089	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0038	0.0055	0.6857	1.4584
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0048	0.0021	2.2373	0.4470
	Uterus	0.0116	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
25	Duendarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefasse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
40	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0279			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0137			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
50	Foetal	0.0134			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0518			
	Hoden	0.0000			
55	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0060			
	Prostata	0.0128			
	Sinnesorgane	0.0000			



## Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 7

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0077	1.2123	0.8249
	Brust	0.0107	0.0131	0.8154	1.2263
	Eierstock	0.0030	0.0078	0.3895	2.5671
	Endokrines_Gewebe	0.0146	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0097	0.0143	0.6786	1.4737
	Gehirn	0.0170	0.0088	1.9353	0.5167
	Haematopoetisch	0.0098	0.0378	0.2587	3.8650
	Haut	0.0298	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000	undef
	Herz	0.0159	0.0137	1.1561	0.8650
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0112	0.0142	0.7901	1.2657
20	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8565	1.1675
	Niere	0.0178	0.0068	2.6050	0.3839
	Pankreas	0.0038	0.0387	0.0980	10.2089
25	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0095	0.0021	4.4745	0.2235
	Uterus	0.0099	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0109			
30	Duennndarm	0.0125			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0356			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0096			
FOETUS					
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0031			
	Gehirn	0.0188			
	Haematopoetisch	0.0039			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0148			
	Niere	0.0185			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0068			
	Eierstock-Uterus	0.0068			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
55	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0162			
	Hoden	0.0078			
60	Lunge	0.0492			
	Nerven	0.0161			
	Prostata	0.0192			
	Sinnesorgane	0.0077			

## Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 8

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0120	0.0109	1.1008	0.9084
	Eierstock	0.0061	0.0052	1.1686	0.8557
	Endokrines_Gewebe	0.0146	0.0136	1.0716	0.9331
	Gastrointestinal	0.0155	0.0143	1.0857	0.9211
10	Gehirn	0.0136	0.0142	0.9527	1.0496
	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0149	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0050	0.0065	0.7651	1.3069
	Herz	0.0170	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0112	0.0095	1.1851	0.8438
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8565	1.1675
	Niere	0.0119	0.0068	1.7366	0.5758
20	Pankreas	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0143	0.0064	2.2373	0.4470
	Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
25	Duennndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0113			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0123			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0164			
	Lunge	0.0037			
40	Niere	0.0185			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
	Eierstock-Uterus	0.0046			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
50	Foetal	0.0070			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0291			
	Hoden	0.0156			
55	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0191			
	Prostata	0.0064			
	Sinnesorgane	0.0155			
60					





## Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 12

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0027	0.0044	0.6116	1.6351
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines Gewebe	0.0018	0.0027	0.6698	1.4930
	Gastrointestinal	0.0078	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0034	0.0011	3.0964	0.3230
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0112	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5710	1.7513
	Niere	0.0089	0.0068	1.3025	0.7678
20	Pankreas	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0048	0.0021	2.2373	0.4470
	Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
25	Duenn darm	0.0156			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0031			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0074			
40	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0140			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0046			
	Endokrines Gewebe	0.0000			
50	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0156			
55	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0030			
	Prostata	0.0064			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					





## Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 16

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5		Blase 0.0046	0.0000	undef	0.0000
		Brust 0.0120	0.0022	5.5042	0.1817
		Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
		Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
10		Gastrointestinal 0.0019	0.0048	0.4071	2.4562
		Gehirn 0.0085	0.0219	0.3871	2.5836
		Haematopoetisch 0.0014	0.0000	undef	0.0000
		Haut 0.0050	0.0000	undef	0.0000
		Hepatisch 0.0000	0.0259	0.0000	undef
15		Herz 0.0032	0.0000	undef	0.0000
		Hoden 0.0122	0.0000	undef	0.0000
		Lunge 0.0037	0.0000	undef	0.0000
		Magen-Speiserohre 0.0000	0.0000	undef	undef
		Muskel-Skelett 0.0223	0.0000	undef	0.0000
20		Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
		Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
		Penis 0.0150	0.0000	undef	0.0000
		Prostata 0.0071	0.0000	undef	0.0000
		Uterus 0.0182	0.0000	undef	0.0000
25		Brust-Hyperplasie 0.0036			
		Duennndarm 0.0000			
		Prostata-Hyperplasie 0.0089			
		Samenblase 0.0267			
		Sinnesorgane 0.0000			
30		Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
FOETUS					
		%Haeufigkeit			
35		Entwicklung 0.0000			
		Gastrointestinal 0.0062			
		Gehirn 0.0000			
		Haematopoetisch 0.0000			
40		Herz-Blutgefuesse 0.0041			
		Lunge 0.0037			
		Niere 0.0124			
		Prostata 0.0000			
		Sinnesorgane 0.0000			
45					
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit			
50		Brust 0.0272			
		Eierstock-Uterus 0.0046			
		Endokrines_Gewebe 0.0245			
		Foetal 0.0047			
		Gastrointestinal 0.0000			
55		Haematopoetisch 0.0000			
		Haut-Muskel 0.0000			
		Hoden 0.0000			
		Lunge 0.0000			
		Nerven 0.0050			
60		Prostata 0.0128			
		Sinnesorgane 0.0000			

## Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 17

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5		Blase 0.0093	0.0026	3.6370	0.2750
		Brust 0.0053	0.0065	0.8154	1.2263
		Eierstock 0.0000	0.0104	0.0000	undef
		Endokrines_Gewebe 0.0091	0.0000	undef	0.0000
10		Gastrointestinal 0.0019	0.0048	0.4071	2.4562
		Gehirn 0.0017	0.0022	0.7741	1.2918
		Haematopoetisch 0.0042	0.0378	0.1109	9.0183
		Haut 0.0050	0.0000	undef	0.0000
		Hepatisch 0.0000	0.0065	0.0000	undef
15		Herz 0.0106	0.0000	undef	0.0000
		Hoden 0.0061	0.0000	undef	0.0000
		Lunge 0.0112	0.0071	1.5801	0.6329
		Magen-Speiserohre 0.0000	0.0000	undef	undef
		Muskel-Skelett 0.0086	0.0060	1.4275	0.7005
20		Niere 0.0059	0.0068	0.8683	1.1517
		Pankreas 0.0057	0.0000	undef	0.0000
		Penis 0.0030	0.0000	undef	0.0000
		Prostata 0.0095	0.0043	2.2373	0.4470
		Uterus 0.0050	0.0071	0.6963	1.4363
25		Brust-Hyperplasie 0.0000			
		Duennndarm 0.0031			
		Prostata-Hyperplasie 0.0089			
		Samenblase 0.0089			
		Sinnesorgane 0.0118			
30		Weisse_Blutkoerperchen 0.0044			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35		Entwicklung 0.0000			
		Gastrointestinal 0.0000			
		Gehirn 0.0063			
		Haematopoetisch 0.0039			
40		Herz-Blutgefuesse 0.0000			
		Lunge 0.0000			
		Niere 0.0062			
		Prostata 0.0000			
		Sinnesorgane 0.0000			
45					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50		Brust 0.0000			
		Eierstock-Uterus 0.0000			
		Endokrines_Gewebe 0.0000			
		Foetal 0.0000			
		Gastrointestinal 0.0000			
55		Haematopoetisch 0.0000			
		Haut-Muskel 0.0032			
		Hoden 0.0000			
		Lunge 0.0164			
		Nerven 0.0010			
60		Prostata 0.0128			
		Sinnesorgane 0.0387			

## Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 19

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5		Blase 0.0093	0.0128	0.7274	1.3748
		Brust 0.0080	0.0065	1.2232	0.8176
		Eierstock 0.0091	0.0000	undef	0.0000
		Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
10		Gastrointestinal 0.0039	0.0000	undef	0.0000
		Gehirn 0.0042	0.0044	0.9676	1.0335
		Haematopoetisch 0.0070	0.0000	undef	0.0000
		Haut 0.0050	0.0000	undef	0.0000
		Hepatisch 0.0000	0.0065	0.0000	undef
15		Herz 0.0032	0.0137	0.2312	4.3248
		Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
		Lunge 0.0037	0.0118	0.3160	3.1643
		Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0153	0.0000	undef
		Muskel-Skelett 0.0051	0.0000	undef	0.0000
20		Niere 0.0089	0.0000	undef	0.0000
		Pankreas 0.0019	0.0055	0.3428	2.9168
		Penis 0.0030	0.0000	undef	0.0000
		Prostata 0.0119	0.0064	1.8644	0.5364
		Uterus 0.0099	0.0000	undef	0.0000
25		Brust-Hyperplasie 0.0036			
		Duennndarm 0.0000			
		Prostata-Hyperplasie 0.0089			
		Samenblase 0.0178			
		Sinnesorgane 0.0000			
30		Weisse_Blutkoerperchen 0.0044			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35		Entwicklung 0.0000			
		Gastrointestinal 0.0062			
		Gehirn 0.0000			
		Haematopoetisch 0.0157			
40		Herz-Blutgefuesse 0.0082			
		Lunge 0.0037			
		Niere 0.0000			
		Prostata 0.0000			
		Sinnesorgane 0.0000			
45					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50		Brust 0.0068			
		Eierstock-Uterus 0.0000			
		Endokrines_Gewebe 0.0000			
		Foetal 0.0047			
		Gastrointestinal 0.0000			
55		Haematopoetisch 0.0000			
		Haut-Muskel 0.0000			
		Hoden 0.0000			
		Lunge 0.0000			
		Nerven 0.0000			
60		Prostata 0.0192			
		Sinnesorgane 0.0155			

## Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 21

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0046	0.0128	0.3637	2.7495
	Brust	0.0013	0.0087	0.1529	6.5404
	Eierstock	0.0061	0.0104	0.5843	1.7114
10	Endokrines_Gewebe	0.0128	0.0136	0.9377	1.0664
	Gastrointestinal	0.0078	0.0143	0.5428	1.8422
	Gehirn	0.0102	0.0131	0.7741	1.2918
	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
	Herz	0.0117	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0025	0.0165	0.1505	6.6450
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0120	0.0120	0.9993	1.0007
	Niere	0.0178	0.0068	2.6050	0.3839
	Pankreas	0.0076	0.0110	0.6857	1.4584
	Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9680
	Prostata	0.0167	0.0064	2.6101	0.3831
25	Uterus	0.0066	0.0214	0.3094	3.2316
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenndarm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0267			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0044			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0247			
	Gehirn	0.0188			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Herz-Blutgefuesse	0.0245			
	Lunge	0.0037			
	Niere	0.0247			
	Prostata	0.0499			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50					
	Brust	0.0136			
	Eierstock-Uterus	0.0046			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0134			
55	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0259			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
60	Nerven	0.0100			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			







## Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 27

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0027	0.0022	1.2232	0.8176
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0027	0.6698	1.4930
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0025	0.0022	1.1612	0.8612
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0071	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duenndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			

		FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0000
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0037
	Niere	0.0062
	Prostata	0.0000
45	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0046
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0029
	Gastrointestinal	0.0000
55	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0065
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0030
60	Prostata	0.0192
	Sinnesorgane	0.0077

## Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 28

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0040	0.0000	undef	0.000
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5843	1.7114
	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0027	1.3396	0.7465
10	Gastrointestinal	0.0058	0.0048	1.2214	0.8187
	Gehirn	0.0017	0.0022	0.7741	1.2918
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0183	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0050	0.0024	2.1069	0.4746
20	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0077	1.2599	0.7937
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0059	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0019	0.0110	0.1714	5.8337
25	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0119	0.0043	2.7966	0.3576
	Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
30	Duenn darm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
35	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
40					
45					
50					
55					
60					

FOETUS  
%HaeufigkeitNORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN  
%Haeufigkeit

## Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 29

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0093	0.0022	4.2576	0.2349
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0050	0.0065	0.7651	1.3069
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0059	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0066	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenn darm	0.0031			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
35	Entwicklung	0.0154			
	Gastrointestinal	0.0031			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0137			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0000			
55	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0078			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0141			
60	Prostata	0.0256			
	Sinnesorgane	0.0077			



## Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 32

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5					
	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0027	0.0022	1.2232	0.8176
	Eierstock	0.0091	0.0078	1.1686	0.8557
	Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0136	0.4019	2.4884
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0095	0.2036	4.9124
	Gehirn	0.0076	0.0044	1.7417	0.5741
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0122	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0012	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0180	0.0952	10.5076
20	Niere	0.0030	0.0068	0.4342	2.3033
	Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0017	0.0142	0.1160	8.6176
25	Brust-Hyperplasie	0.0109			
	Duennndarm	0.0062			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35					
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0154			
	Gehirn	0.0125			
	Haematopoetisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0140			
45					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50					
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0046			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0128			
	Gastrointestinal	0.0000			
55	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0468			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0060			
60	Prostata	0.0192			
	Sinnesorgane	0.0232			

## Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 33

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0046		0.0026		1.8185	0.5499
	Brust	0.0013		0.0022		0.6116	1.6351
	Eierstock	0.0000		0.0026		0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0055		0.0000		undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0019		0.0000		undef	0.0000
	Gehirn	0.0042		0.0077		0.5529	1.8085
	Haematopoetisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Hepatisch	0.0000		0.0129		0.0000	undef
	Herz	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hoden	0.0000		0.0117		0.0000	undef
	Lunge	0.0025		0.0047		0.5267	1.8986
20	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000		0.0000		undef	undef
	Niere	0.0030		0.0000		undef	0.0000
	Pankreas	0.0000		0.0000		undef	undef
25	Penis	0.0030		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0071		0.0021		3.3559	0.2980
	Uterus	0.0017		0.0000		undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
30	Duenn darm	0.0062					
	Prostata-Hyperplasie	0.0119					
	Samenblase	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
35	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017					
40							
45							
50							
55							
60							

## Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 35

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0093	0.0065	1.4270	0.7008
	Eierstock	0.0091	0.0130	0.7012	1.4262
	Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0027	2.0093	0.4977
	Gastrointestinal	0.0039	0.0190	0.2036	4.9124
10	Gehirn	0.0008	0.0033	0.2580	3.8754
	Haematopoetisch	0.0112	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0053	0.0137	0.3854	2.5949
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0037	0.0024	1.5801	0.6329
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2855	3.5025
	Niere	0.0089	0.0137	0.6512	1.5355
20	Pankreas	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0095	0.0021	4.4745	0.2235
	Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
25	Duenn darm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0154			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Herz-Blutgefuesse	0.0082			
40	Lunge	0.0074			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0297			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
50	Foetal	0.0082			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0156			
55	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0080			
	Prostata	0.0064			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					





## Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 37

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0012	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0095	0.0021	4.4745	0.2235
	Uterus	0.0050	0.0356	0.1393	7.1813
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
25	Duennndarm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
40	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
50	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
55	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0064			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					

## Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 39

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0325	0.0332	0.9792	1.0213
	Brust	0.0293	0.0196	1.4950	0.6689
	Eierstock	0.0000	0.0104	0.0000	undef
	Endokrines Gewebe	0.0091	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0252	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0085	0.0131	0.6451	1.5502
	Haematopoetisch	0.0098	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0249	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0636	0.1649	0.3854	2.5949
15	Hoden	0.0183	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0212	0.0165	1.2792	0.7818
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0137	0.0060	2.2841	0.4378
	Niere	0.0208	0.0137	1.5196	0.6581
20	Pankreas	0.0284	0.0166	1.7142	0.5834
	Penis	0.0000	0.0533	0.0000	undef
	Prostata	0.0048	0.0106	0.4475	2.2349
	Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
25	Duenndarm	0.0218			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0588			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.1045			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0154			
	Gastrointestinal	0.0123			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0118			
	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
40	Lunge	0.0148			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0114			
	Endokrines Gewebe	0.1224			
50	Foetal	0.0122			
	Gastrointestinal	0.0366			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0291			
	Hoden	0.0000			
55	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0040			
	Prostata	0.0385			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					

## Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 41

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0022	0.0000	undef
	Eierstock	0.0061	0.0026	2.3372	0.4279
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
25	Duenndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0037			
40	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0023			
50	Endokrines Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
55	Hoden	0.0078			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0192			
60	Sinnesorgane	0.0000			

## Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 42

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0160	0.0044	3.6695	0.2725
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1686	0.8557
	Endokrines_Gewebe	0.0109	0.0082	1.3396	0.7465
	Gastrointestinal	0.0078	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0042	0.0055	0.7741	1.2918
	Haematopoetisch	0.0070	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0037	0.0024	1.5801	0.6329
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
	Niere	0.0059	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0167	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0066	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0109			
25	Duendarm	0.0031			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0062			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
40	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0136			
	Eierstock-Uterus	0.0023			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0070			
	Gastrointestinal	0.0000			
55	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
60	Prostata	0.0256			
	Sinnesorgane	0.0000			



## Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 46

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0040	0.0131	0.3058	3.2702
	Eierstock	0.0122	0.0234	0.5194	1.9254
	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0109	0.3349	2.9861
	Gastrointestinal	0.0116	0.0095	1.2214	0.8187
10	Gehirn	0.0051	0.0164	0.3096	3.2295
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0085	0.0137	0.6166	1.6218
15	Hoden	0.0061	0.0117	0.5224	1.9144
	Lunge	0.0075	0.0095	0.7901	1.2657
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0030	0.0068	0.4342	2.3033
20	Pankreas	0.0076	0.0055	1.3713	0.7292
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0119	0.0043	2.7966	0.3576
	Uterus	0.0083	0.0071	1.1604	0.8618
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
25	Duendarm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointenstinal	0.0154			
	Gehirn	0.0125			
	Haematopoetisch	0.0157			
	Herz-Blutgefaesse	0.0041			
40	Lunge	0.0037			
	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0140			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0046			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
50	Foetal	0.0117			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0000			
55	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0110			
	Prostata	0.0192			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					

## Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 47

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0077	1.2123	0.8249
	Brust	0.0093	0.0283	0.3293	3.0366
	Eierstock	0.0182	0.0052	3.5059	0.2852
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0504	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0000	0.0033	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0495	0.0065	7.6515	0.1307
	Herz	0.0074	0.0137	0.5395	1.8535
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0060	1.9985	0.5004
	Niere	0.0238	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0511	0.0276	1.8513	0.5402
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0333	0.0149	2.2373	0.4470
	Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0109			
25	Duennndarm	0.1028			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0183			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0462			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0197			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0160			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
50	Foetal	0.0122			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0324			
	Hoden	0.0000			
55	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0256			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					





## Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 52

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0022	0.6116	1.6351
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0008	0.0099	0.0860	11.6263
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0059	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0119	0.0021	5.5932	0.1788
	Uterus	0.0083	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
30	Duenndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
35	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
40					
45					
50					
55					
60					

## Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 53

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0051		0.0000	undef
	Brust	0.0000		0.0044		0.0000	undef
	Eierstock	0.0030		0.0000		undef	0.0000
	Endokrines Gewebe	0.0055		0.0027		2.0093	0.4977
	Gastrointestinal	0.0058		0.0048		1.2214	0.8187
10	Gehirn	0.0000		0.0000		undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Herz	0.0032		0.0000		undef	0.0000
15	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
	Lunge	0.0000		0.0024		0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0153		0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0034		0.0000		undef	0.0000
	Niere	0.0000		0.0000		undef	undef
20	Pankreas	0.0000		0.0000		undef	undef
	Penis	0.0000		0.0000		undef	undef
	Prostata	0.0071		0.0021		3.3559	0.2980
	Uterus	0.0033		0.0000		undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0036					
25	Duendarm	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0030					
	Samenblase	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
		FOETUS					
		%Haeufigkeit					
35	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
40	Lunge	0.0037					
	Niere	0.0062					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0140					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit					
45	Brust	0.0000					
	Eierstock-Uterus	0.0046					
	Endokrines Gewebe	0.0000					
50	Foetal	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0032					
	Hoden	0.0000					
55	Lunge	0.0000					
	Nerven	0.0030					
	Prostata	0.0128					
	Sinnesorgane	0.0000					

## Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 54

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0077	1.2123	0.8249
	Brust	0.0200	0.0044	4.5868	0.2180
	Eierstock	0.0152	0.0104	1.4608	0.6846
	Endokrines_Gewebe	0.0091	0.0054	1.6745	0.5972
	Gastrointestinal	0.0039	0.0048	0.8143	1.2281
10	Gehirn	0.0110	0.0033	3.3545	0.2981
	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0149	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0198	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0122	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0062	0.0071	0.8779	1.1391
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0240	0.2141	4.6701
	Niere	0.0178	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0019	0.0110	0.1714	5.8337
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0119	0.0043	2.7966	0.3576
	Uterus	0.0050	0.0214	0.2321	4.3088
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
25	Duenndarm	0.0062			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0540			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0123			
	Gehirn	0.0250			
	Haematopoetisch	0.0275			
	Herz-Blutgefuesse	0.0082			
	Lunge	0.0037			
40	Niere	0.0185			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0558			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
	Eierstock-Uterus	0.0046			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
50	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0000			
55	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0040			
	Prostata	0.0064			
	Sinnesorgane	0.0310			
60					

## Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 55

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0153	0.6062	1.6497
	Brust	0.0053	0.0065	0.8154	1.2263
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0054	1.0047	0.9954
	Gastrointestinal	0.0039	0.0048	0.8143	1.2281
10	Gehirn	0.0042	0.0033	1.2902	0.7751
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0050	0.0129	0.3826	2.6139
	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0061	0.0234	0.2612	3.8288
	Lunge	0.0100	0.0095	1.0534	0.9493
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0089	0.0137	0.6512	1.5355
20	Pankreas	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0048	0.0021	2.2373	0.4470
	Uterus	0.0066	0.0071	0.9283	1.0772
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
25	Duennndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0031			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0046			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
50	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
55	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0128			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					





## Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 61

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0128		0.0000	undef
	Brust	0.0000		0.0022		0.0000	undef
	Eierstock	0.0000		0.0000		undef	undef
	Endokrines Gewebe	0.0018		0.0109		0.1674	5.9721
	Gastrointestinal	0.0078		0.0000		undef	0.0000
10	Gehirn	0.0034		0.0033		1.0321	0.9689
	Haematopoetisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hepatisch	0.0050		0.0000		undef	0.0000
	Herz	0.0032		0.0000		undef	0.0000
15	Hoden	0.0183		0.0000		undef	0.0000
	Lunge	0.0025		0.0071		0.3511	2.8478
	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051		0.0000		undef	0.0000
	Niere	0.0000		0.0000		undef	undef
20	Pankreas	0.0019		0.0110		0.1714	5.8337
	Penis	0.0120		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0071		0.0021		3.3559	0.2980
	Uterus	0.0033		0.0000		undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
25	Duendarm	0.0093					
	Prostata-Hyperplasie	0.0030					
	Samenblase	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009					
		FOETUS					
		%Haeufigkeit					
35	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Gehirn	0.0188					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0041					
40	Lunge	0.0037					
	Niere	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
		%Haeufigkeit					
	Brust	0.0136					
	Eierstock-Uterus	0.0046					
	Endokrines Gewebe	0.0000					
50	Foetal	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0000					
	Hoden	0.0000					
55	Lunge	0.0164					
	Nerven	0.0050					
	Prostata	0.0192					
	Sinnesorgane	0.0000					

60

65

70





## Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 63

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0186	0.0844	0.2204	4.5368
	Brust	0.0560	0.0370	1.5110	0.6618
	Eierstock	0.0395	0.0260	1.5192	0.6582
	Endokrines_Gewebe	0.0128	0.0245	0.5209	1.9196
	Gastrointestinal	0.0775	0.0857	0.9047	1.1053
10	Gehirn	0.0254	0.0350	0.7257	1.3779
	Haematopoetisch	0.0364	0.0378	0.9610	1.0406
	Haut	0.2188	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0198	0.0582	0.3401	2.9406
	Herz	0.1112	0.1787	0.6225	1.6064
15	Hoden	0.0183	0.0117	1.5671	0.6381
	Lunge	0.1133	0.0804	1.4097	0.7094
	Magen-Speiserohre	0.0676	0.0307	2.2049	0.4535
	Muskel-Skelett	0.1696	0.0300	5.6530	0.1769
	Niere	0.0684	0.0753	0.9078	1.1016
20	Pankreas	0.0151	0.0607	0.2493	4.0107
	Penis	0.0749	0.1066	0.7019	1.4246
	Prostata	0.0715	0.0106	6.7118	0.1490
	Uterus	0.0611	0.0214	2.8624	0.3494
	Brust-Hyperplasie	0.0254			
25	Duennndarm	0.0997			
	Prostata-Hyperplasie	0.0386			
	Samenblase	0.0445			
	Sinnesorgane	0.0941			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0670			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0615			
	Gastrointestinal	0.0154			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
40	Lunge	0.0074			
	Niere	0.0185			
	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0408			
	Eierstock-Uterus	0.0114			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
50	Foetal	0.0338			
	Gastrointestinal	0.1098			
	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0421			
	Hoden	0.0312			
55	Lunge	0.2786			
	Nerven	0.0080			
	Prostata	0.0192			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					

## Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 64

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5					
	Blase	0.0093	0.0153	0.6062	1.6497
	Brust	0.0160	0.0174	0.9174	1.0901
	Eierstock	0.0091	0.0182	0.5008	1.9967
	Endokrines_Gewebe	0.0201	0.0109	1.8419	0.5429
10	Gastrointestinal	0.0194	0.0333	0.5816	1.7193
	Gehirn	0.0076	0.0219	0.3483	2.8707
	Haematopoetisch	0.0182	0.0378	0.4805	2.0811
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0099	0.0323	0.3061	3.2673
15	Herz	0.0148	0.0275	0.5395	1.8535
	Hoden	0.0122	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0174	0.0118	1.4748	0.6781
	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0307	0.9449	1.0583
	Muskel-Skelett	0.0154	0.0120	1.2848	0.7783
20	Niere	0.0416	0.0068	6.0782	0.1645
	Pankreas	0.0170	0.0110	1.5428	0.6482
	Penis	0.0120	0.0267	0.4492	2.2260
	Prostata	0.0191	0.0085	2.2373	0.4470
	Uterus	0.0149	0.0142	1.0444	0.9575
25	Brust-Hyperplasie	0.0182			
	Duenn darm	0.0187			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0353			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0183			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0307			
	Gastrointestinal	0.0062			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0393			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0074			
	Niere	0.0124			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
45					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0476			
50	Eierstock-Uterus	0.0571			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0175			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0114			
55	Haut-Muskel	0.0291			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0000			
60	Sinnesorgane	0.0310			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 217

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B Lymphom	0.0100	0.0136	0.7358	1.3590
	Blase	0.0039	0.0094	0.4149	2.4102
	Brust	0.0053	0.0028	1.8786	0.5323
	Dickdarm	0.0153	0.0028	5.3823	0.1858
	Duenndarm	0.0027	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0032	0.0114	0.2826	3.5381
	Gehirn	0.0072	0.0060	1.2090	0.8271
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0046	0.0127	0.3662	2.7307
15	Herz	0.0071	0.0137	0.5169	1.9348
	Hoden	0.0080	0.0059	1.3570	0.7369
	Lunge	0.0107	0.0037	2.8941	0.3455
	Magen-Speiser.	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0045	0.0048	0.9284	1.0771
	Pankreas	0.0116	0.0055	2.0940	0.4776
	Prostata	0.0038	0.0013	2.8940	0.3455
	T Lymphom	0.0025	0.0075	0.3381	2.9576
	Uterus	0.0031	0.0092	0.3368	2.9694
25	Weisse Blutkoerper.	0.0089	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0067			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
35	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0125
	Haematopoetisch	0.0079
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
40	Herz-Blutgefuesse	0.0071
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0124
	Placenta	0.0121
45	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0204
	Brust_t	0.0000
	Dickdarm_t	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
55	Eierstock_t	0.0152
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0046
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0130
	Hoden_n	0.0167
	Hoden_t	0.0000
	Lunge_n	0.0000
	Lunge_t	0.0000
65	Nerven	0.0070
	Niere_t	0.0000
	Ovar_Uterus	0.0203
	Prostata_n	0.0121
	Sinnesorgane	0.0000
70	Weisse Blutkoerperchen	0.0000



## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 219

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0075	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0156	0.0047	3.3190	0.3013
	Brust	0.0185	0.0211	0.8767	1.1406
	Dickdarm	0.0307	0.0199	1.5378	0.6503
	Duenn darm	0.0082	0.0213	0.3865	2.5875
10	Eierstock	0.0059	0.0334	0.1778	5.6255
	Endokrines_Gewebe	0.0305	0.0266	1.1468	0.8720
	Gehirn	0.0393	0.0189	2.0767	0.4815
	Haut	0.0257	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0127	0.0000	undef
15	Herz	0.0447	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0161	0.0118	1.3571	0.7369
	Lunge	0.0282	0.0240	1.1739	0.8519
	Magen-Speiseroehre	0.0072	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0154	0.0074	2.0875	0.4790
20	Niere	0.0269	0.0193	1.3927	0.7180
	Pankreas	0.0066	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0179	0.0065	2.7494	0.3637
	T_Lymphom	0.0177	0.0672	0.2630	3.8026
	Uterus	0.0118	0.0046	2.5703	0.3891
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0226	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0147			
	Penis	0.0188			
	Samenblase	0.0281			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0167			
	Gehirn	0.0188			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0356			
	Lunge	0.0145			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0185			
	Placenta	0.0182			
45	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0068			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.1595			
55	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0122			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0292			
	Hoden_n	0.0167			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0195			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0311			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0090			
	Prostata_n	0.0061			
	Sinnesorgane	0.0310			
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 220

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0078	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0088	0.0070	1.2524	0.7985
	Dickdarm	0.0153	0.0085	1.7941	0.5574
	Duenn darm	0.0192	0.0213	0.9018	1.1089
10	Eierstock	0.0059	0.0262	0.2262	4.4200
	Endokrines Gewebe	0.0337	0.0142	2.3766	0.4208
	Gehirn	0.0156	0.0070	2.2381	0.4468
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0093	0.0063	1.4649	0.6826
15	Herz	0.0183	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0161	0.0059	2.7142	0.3684
	Lunge	0.0185	0.0111	1.6663	0.6001
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0037	1.3917	0.7186
20	Niere	0.0157	0.0048	3.2497	0.3077
	Pankreas	0.0099	0.0055	1.7949	0.5571
	Prostata	0.0160	0.0065	2.4600	0.4065
	T_Lymphom	0.0152	0.0299	0.5072	1.9717
	Uterus	0.0089	0.0046	1.9277	0.5188
25	Weisse Blutkoerperchen	0.0164	0.0304	0.5410	1.8483
	Haematopoetisch	0.0040			
	Penis	0.0080			
	Samenblase	0.0141			
30	Sinnesorgane	0.0118			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
35	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0178			
	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0182			
45	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0126			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0058			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0194			
	Hoden_n	0.0084			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0195			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0090			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar Uterus	0.0090			
	Prostata_n	0.0121			
	Sinnesorgane	0.0000			
70	Weisse Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 221

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0100	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0078	0.0047	1.6595	0.6026
	Brust	0.0079	0.0056	1.4090	0.7097
	Dickdarm	0.0057	0.0085	0.6728	1.4864
	Duendarm	0.0082	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0030	0.0143	0.2074	4.8219
	Endokrines_Gewebe	0.0112	0.0106	1.0563	0.9467
	Gehirn	0.0052	0.0040	1.3056	0.7659
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0063	0.0000	undef
15	Herz	0.0132	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0117	0.0129	0.9021	1.1085
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0074	1.1597	0.8623
20	Niere	0.0179	0.0048	3.7139	0.2693
	Pankreas	0.0083	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0113	0.0065	1.7364	0.5759
	T_Lymphom	0.0000	0.0149	0.0000	undef
	Uterus	0.0044	0.0046	0.9638	1.0375
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0075	0.0304	0.2480	4.0326
	Haematopoetisch	0.0067			
	Penis	0.0080			
	Samenblase	0.0141			
30	Sinnesorgane	0.0118			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0242			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden_n	0.0042			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0195			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0050			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0000			
	Prostata_n	0.0121			
	Sinnesorgane	0.0774			
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			



Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 222

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0351	0.0047	7.4677	0.1339
	Brust	0.0070	0.0014	5.0097	0.1996
	Dickdarm	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0000	0.0024	0.0000	undef
	Endokrines Gewebe	0.0016	0.0035	0.4527	2.2091
	Gehirn	0.0017	0.0060	0.2901	3.4467
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0063	0.0000	undef
15	Herz	0.0020	0.0137	0.1477	6.7715
	Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0039	0.0018	2.1049	0.4751
	Magen-Speiserohre	0.0145	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0112	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2992	3.3427
	Prostata	0.0075	0.0026	2.8941	0.3455
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0059	0.0046	1.2851	0.7781
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0013			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0254
	Niere	0.0185
	Placenta	0.0121
45	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0340
	Brust_t	0.0000
	Dickdarm_t	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
55	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0017
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0065
	Hoden_n	0.0000
	Hoden_t	0.0000
	Lunge_n	0.0098
	Lunge_t	0.0000
65	Nerven	0.0020
	Niere_t	0.0000
	Ovar_Uterus	0.0000
	Prostata_n	0.0061
	Sinnesorgane	0.0000
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 223

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0100	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0273	0.0117	2.3233	0.4304
	Brust	0.0150	0.0098	1.5208	0.6576
	Dickdarm	0.0077	0.0028	2.6911	0.3716
	Duenn darm	0.0110	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0089	0.0024	3.7330	0.2679
	Endokrines_Gewebe	0.0016	0.0053	0.3018	3.3136
	Gehirn	0.0069	0.0100	0.6963	1.4361
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0190	0.0000	undef
15	Herz	0.0081	0.0137	0.5907	1.6929
	Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0068	0.0111	0.6139	1.6289
	Magen-Speiseroehre	0.0072	0.0128	0.5668	1.7644
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0037	2.3194	0.4311
20	Niere	0.0112	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0055	0.8975	1.1142
	Prostata	0.0141	0.0169	0.8348	1.1978
	T_Lymphom	0.0202	0.0075	2.7049	0.3697
	Uterus	0.0177	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0096	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0187			
	Penis	0.0080			
	Samenblase	0.0281			
30	Sinnesorgane	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0145			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0068			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0046			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0098			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0010			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0023			
	Prostata_n	0.0121			
	Sinnesorgane	0.0155			
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 224

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0078	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0018	0.0112	0.1566	6.3876
	Dickdarm	0.0057	0.0057	1.0092	0.9909
	Duenndarm	0.0027	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0059	0.0143	0.4148	2.4109
	Endokrines Gewebe	0.0032	0.0053	0.6036	1.6568
	Gehirn	0.0029	0.0060	0.4835	2.0680
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0093	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0039	0.0037	1.0524	0.9502
	Magen-Speiserohre	0.0072	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0037	0.4639	2.1557
20	Niere	0.0112	0.0048	2.3212	0.4308
	Pankreas	0.0099	0.0055	1.7949	0.5571
	Prostata	0.0066	0.0065	1.0129	0.9872
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0053			
	Penis	0.0080			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0098			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0030			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar Uterus	0.0000			
	Prostata_n	0.0243			
	Sinnesorgane	0.0000			
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 225

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0075	0.0136	0.5519	1.8120
	Blase	0.0078	0.0023	3.3190	0.3013
	Brust	0.0053	0.0056	0.9393	1.0646
	Dickdarm	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0027	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0059	0.0072	0.8296	1.2055
	Endokrines_Gewebe	0.0177	0.0018	9.9589	0.1004
	Gehirn	0.0075	0.0050	1.5087	0.6628
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0127	0.0000	undef
15	Herz	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0161	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0088	0.0111	0.7893	1.2669
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0074	0.4639	2.1557
20	Niere	0.0090	0.0048	1.8570	0.5385
	Pankreas	0.0099	0.0055	1.7949	0.5571
	Prostata	0.0113	0.0013	8.6822	0.1152
	T_Lymphom	0.0025	0.0075	0.3381	2.9576
	Uterus	0.0059	0.0046	1.2851	0.7781
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0053			
	Penis	0.0080			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					

		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
35	Gastrointestinal	0.0111
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0182
45	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0068
	Brust_t	0.0000
	Dickdarm_t	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
55	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0127
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden_n	0.0167
	Hoden_t	0.0000
	Lunge_n	0.0000
	Lunge_t	0.0000
65	Nerven	0.0040
	Niere_t	0.0000
	Ovar_Uterus	0.0180
	Prostata_n	0.0061
	Sinnesorgane	0.0000
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 226

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0000	0.0023	0.0000	undef
	Brust	0.0053	0.0056	0.9393	1.0646
	Dickdarm	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines Gewebe	0.0016	0.0053	0.3018	3.3136
	Gehirn	0.0035	0.0020	1.7408	0.5745
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0046	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0059	0.0000	undef
	Lunge	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0045	0.0048	0.9285	1.0770
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0059	0.0046	1.2851	0.7781
25	Weisse Blutkoerperchen	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000			
	Penis	0.0080			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
35	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0125
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
40	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0000
45	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Brust_t	0.0000
	Dickdarm_t	0.0000
	Eierstock_n	0.1595
55	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0046
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0097
	Hoden_n	0.0000
	Hoden_t	0.0000
	Lunge_n	0.0000
	Lunge_t	0.0000
65	Nerven	0.0070
	Niere_t	0.0000
	Ovar_Uterus	0.0023
	Prostata_n	0.0182
	Sinnesorgane	0.0077
70	Weisse Blutkoerperchen	0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 227

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0038	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0094	0.0094	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0025	0.0089	0.0089	0.2799	3.5727	0.2799
	Dickdarm	0.0057	0.0228	0.0228	0.2523	3.9638	0.2523
	Duenndarm	0.0082	0.0000	0.0000	undef	0.0000	undef
10	Eierstock	0.0059	0.0095	0.0095	0.6222	1.6073	0.6222
	Endokrines_Gewebe	0.0096	0.0033	0.0033	2.9275	0.3416	2.9275
	Gehirn	0.0134	0.0050	0.0050	2.6904	0.3717	2.6904
	Haut	0.0037	0.0000	0.0000	undef	0.0000	undef
	Hepatisch	0.0093	0.0063	0.0063	1.4649	0.6826	1.4649
15	Herz	0.0081	0.0137	0.0137	0.5907	1.6928	0.5907
	Hoden	0.0161	0.0000	0.0000	undef	0.0000	undef
	Lunge	0.0049	0.0037	0.0037	1.3158	0.7600	1.3158
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0165	0.0165	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0074	0.0074	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0112	0.0000	0.0000	undef	0.0000	undef
	Pankreas	0.0033	0.0092	0.0092	0.3604	2.7748	0.3604
	Prostata	0.0113	0.0078	0.0078	1.4470	0.6911	1.4470
	T_Lymphom	0.0033	0.0173	0.0173	0.1901	5.2613	0.1901
	Uterus	0.0118	0.0046	0.0046	2.5702	0.3891	2.5702
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0023	0.0000	0.0000	undef	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0047					
	Penis	0.0027					
	Samenblase	0.0000					
30	Sinnesorgane	0.0118					
		FOETUS					
		%Haeufigkeit					
35	Entwicklung	0.0278					
	Gastrointestinal	0.0111					
	Gehirn	0.0000					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0036					
40	Lunge	0.0108					
	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Placenta	0.0000					
	Prostata	0.0000					
45	Sinnesorgane	0.0126					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit					
50	Brust	0.0068					
	Brust_t	0.0000					
	Dickdarm_t	0.0125					
	Eierstock_t	0.0379					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
55	Foetal	0.0066					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0090					
	Hoden_n	0.0169					
60	Hoden_t	0.0228					
	Lunge_n	0.0000					
	Lunge_t	0.0000					
	Nerven	0.0191					
	Niere_t	0.0495					
65	Ovar_Uterus	0.0325					
	Prostata_n	0.0182					
	Sinnesorgane	0.0077					

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 228

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0094	0.0000	undef
	Brust	0.0070	0.0056	1.2524	0.7985
	Dickdarm	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0055	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0148	0.0048	3.1108	0.3215
	Endokrines Gewebe	0.0016	0.0018	0.9054	1.1045
	Gehirn	0.0064	0.0060	1.0638	0.9400
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0127	0.0000	undef
15	Herz	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0080	0.0118	0.6786	1.4737
	Lunge	0.0019	0.0074	0.2631	3.8007
	Magen-Speiserohre	0.0145	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0045	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0057	0.0026	2.1706	0.4607
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0015	0.0046	0.3213	3.1125
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0067			
	Penis	0.0027			
	Samenblase	0.0070			
	Sinnesorgane	0.0118			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
45	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0136			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden_n	0.0042			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0098			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0060			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0023			
	Prostata_n	0.0182			
	Sinnesorgane	0.0000			
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 229

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0039	0.0023	1.6595	0.6026
	Brust	0.0018	0.0000	undef	0.0000
	Dickdarm	0.0019	0.0028	0.6728	1.4864
	Duenn darm	0.0027	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines Gewebe	0.0016	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0059	0.0000	undef
	Lunge	0.0010	0.0018	0.5262	1.9004
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0037	0.4639	2.1557
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000			
	Penis	0.0027			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0000			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0000			
	Prostata_n	0.0121			
	Sinnesorgane	0.0000			
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			





Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 231

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0136	0.0000	undef		
	Blase	0.0117	0.0047	2.4892	0.4017		
	Brust	0.0053	0.0028	1.8786	0.5323		
	Dickdarm	0.0038	0.0000	undef	0.0000		
	Duenndarm	0.0110	0.0213	0.5153	1.9406		
10	Eierstock	0.0030	0.0072	0.4148	2.4109		
	Endokrines_Gewebe	0.0064	0.0053	1.2071	0.8284		
	Gehirn	0.0064	0.0140	0.4559	2.1934		
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000		
	Hepatisch	0.0000	0.0254	0.0000	undef		
15	Herz	0.0000	0.0137	0.0000	undef		
	Hoden	0.0000	0.0059	0.0000	undef		
	Lunge	0.0068	0.0055	1.2278	0.8144		
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef		
20	Niere	0.0067	0.0096	0.6964	1.4360		
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000		
	Prostata	0.0104	0.0039	2.6529	0.3769		
	T_Lymphom	0.0025	0.0075	0.3381	2.9576		
	Uterus	0.0044	0.0000	undef	0.0000		
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0027	0.0000	undef	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0013					
	Penis	0.0080					
	Samenblase	0.0070					
	Sinnesorgane	0.0000					
30							
	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0418					
35	Gastrointestinal	0.0000					
	Gehirn	0.0125					
	Haematopoetisch	0.0039					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
40	Herz-Blutgefuesse	0.0071					
	Lunge	0.0000					
	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0062					
	Placenta	0.0000					
45	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
50	Brust	0.0000					
	Brust_t	0.0000					
	Dickdarm_t	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
55	Eierstock_t	0.0051					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0017					
	Gastrointestinal	0.0244					
	Haematopoetisch	0.0000					
60	Haut-Muskel	0.0000					
	Hoden_n	0.0000					
	Hoden_t	0.0000					
	Lunge_n	0.0098					
	Lunge_t	0.0000					
65	Nerven	0.0030					
	Niere_t	0.0000					
	Ovar_Uterus	0.0023					
	Prostata_n	0.0061					
	Sinnesorgane	0.0000					
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 232

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0100		0.0136		0.7358	1.3590
	Blase	0.0117		0.0094		1.2446	0.8035
	Brust	0.0150		0.0056		2.6614	0.3757
	Dickdarm	0.0038		0.0199		0.1922	5.2023
	Duenndarm	0.0110		0.0000		undef	0.0000
10	Eierstock	0.0119		0.0215		0.5530	1.8082
	Endokrines_Gewebe	0.0048		0.0053		0.9054	1.1045
	Gehirn	0.0046		0.0040		1.1605	0.8617
	Haut	0.0037		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0046		0.0190		0.2441	4.0959
15	Herz	0.0142		0.0137		1.0337	0.9674
	Hoden	0.0080		0.0118		0.6786	1.4737
	Lunge	0.0078		0.0092		0.8419	1.1877
	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0064		0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0034		0.0074		0.4639	2.1557
20	Niere	0.0067		0.0096		0.6964	1.4360
	Pankreas	0.0066		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0123		0.0039		3.1353	0.3190
	T_Lymphom	0.0101		0.0224		0.4508	2.2182
	Uterus	0.0044		0.0046		0.9638	1.0375
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0062		0.0000		undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0134					
	Penis	0.0134					
	Samenblase	0.0000					
30	Sinnesorgane	0.0118					

		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
35	Gastrointestinal	0.0139	
	Gehirn	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0157	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
40	Herz-Blutgefuesse	0.0107	
	Lunge	0.0181	
	Nebenniere	0.0254	
	Niere	0.0000	
	Placenta	0.0121	
45	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000	
	Brust_t	0.0000	
	Dickdarm_t	0.0000	
	Eierstock_n	0.0000	
55	Eierstock_t	0.0152	
	Endokrines_Gewebe	0.0245	
	Foetal	0.0087	
	Gastrointestinal	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0000	
60	Haut-Muskel	0.0065	
	Hoden_n	0.0376	
	Hoden_t	0.0000	
	Lunge_n	0.0293	
	Lunge_t	0.0000	
65	Nerven	0.0100	
	Niere_t	0.0000	
	Ovar_Uterus	0.0338	
	Prostata_n	0.0061	
	Sinnesorgane	0.0000	
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 233

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0078	0.0117	0.6638	1.5065
	Brust	0.0088	0.0155	0.5693	1.7566
	Dickdarm	0.0211	0.0028	7.4006	0.1351
	Duenn darm	0.0027	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0119	0.0024	4.9773	0.2009
	Endokrines Gewebe	0.0032	0.0142	0.2263	4.4181
	Gehirn	0.0035	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0257	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0279	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0071	0.0137	0.5169	1.9347
	Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0292	0.0148	1.9733	0.5068
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0269	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0165	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0141	0.0052	2.7132	0.3686
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0044	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0040			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0070			
30	Sinnesorgane	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0145			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0058			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0293			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0020			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0068			
	Prostata_n	0.0243			
	Sinnesorgane	0.0000			
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 234

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0094	0.0000	undef
	Brust	0.0035	0.0056	0.6262	1.5969
	Dickdarm	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0027	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0059	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines Gewebe	0.0048	0.0018	2.7161	0.3682
	Gehirn	0.0035	0.0010	3.4816	0.2872
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0063	0.0000	undef
15	Herz	0.0020	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0049	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0072	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0037	0.4639	2.1557
20	Niere	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	T_Lymphom	0.0126	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0074	0.0046	1.6064	0.6225
25	Weisse Blutkoerperchen	0.0055	0.0304	0.1803	5.5448
	Haematopoetisch	0.0013			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0141			
30	Sinnesorgane	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0139			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0061			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0253			
	Endokrines Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden_n	0.0042			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0090			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0113			
	Prostata_n	0.0061			
	Sinnesorgane	0.0000			
70	Weisse Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 235

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0014	0.0000	undef
	Dickdarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0107	0.0000	undef
10	Eierstock	0.0059	0.0048	1.2443	0.8036
	Endokrines_Gewebe	0.0016	0.0053	0.3018	3.3136
	Gehirn	0.0006	0.0030	0.1934	5.1701
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0000	0.0046	0.0000	undef
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000			
	Penis	0.0027			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointenstinal	0.0000			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefaessee	0.0000			
	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden_n	0.0042			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0195			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0010			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0023			
	Prostata_n	0.0182			
	Sinnesorgane	0.0000			
70	Weisse Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 236

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0100	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0194	0.0084	2.2961	0.4355
	Dickdarm	0.0096	0.0000	undef	0.0000
	Duenndarm	0.0055	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0059	0.0024	2.4887	0.4018
	Endokrines_Gewebe	0.0128	0.0053	2.4143	0.4142
	Gehirn	0.0041	0.0070	0.5803	1.7234
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0058	0.0092	0.6315	1.5836
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0037	1.3917	0.7186
20	Niere	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0104	0.0039	2.6529	0.3769
	T_Lymphom	0.0025	0.0075	0.3381	2.9576
	Uterus	0.0118	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0089	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0134			
	Penis	0.0080			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0242			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0204			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0093			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0060			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0045			
	ProStata_n	0.0182			
	Sinnesorgane	0.0000			
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 237

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0023	0.0000	undef
	Brust	0.0176	0.0070	2.5048	0.3992
	Dickdarm	0.0077	0.0057	1.3456	0.7432
	Duenn darm	0.0055	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0030	0.0072	0.4148	2.4109
	Endokrines Gewebe	0.0032	0.0035	0.9054	1.1045
	Gehirn	0.0069	0.0010	6.9631	0.1436
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0061	0.0137	0.4430	2.2572
	Hoden	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0029	0.0037	0.7893	1.2669
	Magen-Speiserohre	0.0072	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0037	0.0000	undef
20	Niere	0.0134	0.0048	2.7855	0.3590
	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2992	3.3427
	Prostata	0.0085	0.0026	3.2558	0.3071
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0074	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0520			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0253			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden_n	0.0084			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0070			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0203			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
70	Weisse Blutkoerperchen	0.0000			



## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 238

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0075	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0047	0.0000	undef
	Brust	0.0009	0.0014	0.6262	1.5969
	Dickdarm	0.0019	0.0028	0.6728	1.4864
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0148	0.0024	6.2217	0.1607
	Endokrines Gewebe	0.0016	0.0018	0.9054	1.1045
	Gehirn	0.0017	0.0060	0.2901	3.4467
	Haut	0.0037	0.0789	0.0466	21.4787
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0120	0.0118	1.0178	0.9825
	Lunge	0.0029	0.0018	1.5786	0.6335
	Magen-Speiserohre	0.0072	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0113	0.0026	4.3411	0.2304
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0030	0.0092	0.3213	3.1125
25	Weisse Blutkoerperchen	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0040			
	Penis	0.0027			
	Samenblase	0.0070			
30	Sinnesorgane	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden_n	0.0042			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0060			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0068			
	Prostata_n	0.0061			
	Sinnesorgane	0.0000			
70	Weisse Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 239

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0125	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0156	0.0094	1.6595	0.6026
	Brust	0.0141	0.0225	0.6262	1.5969
	Dickdarm	0.0172	0.0085	2.0184	0.4955
	Duenn darm	0.0192	0.0213	0.9018	1.1089
10	Eierstock	0.0237	0.0262	0.9050	1.1050
	Endokrines_Gewebe	0.0144	0.0160	0.9054	1.1045
	Gehirn	0.0197	0.0269	0.7307	1.3686
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0279	0.0190	1.4649	0.6826
15	Herz	0.0203	0.0275	0.7384	1.3543
	Hoden	0.0040	0.0059	0.6786	1.4737
	Lunge	0.0175	0.0166	1.0524	0.9502
	Magen-Speiserohre	0.0217	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0037	2.7833	0.3593
20	Niere	0.0112	0.0289	0.3869	2.5849
	Pankreas	0.0116	0.0055	2.0941	0.4775
	Prostata	0.0141	0.0039	3.6176	0.2764
	T_Lymphom	0.0025	0.0075	0.3381	2.9576
	Uterus	0.0148	0.0184	0.8032	1.2450
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0040			
	Penis	0.0134			
	Samenblase	0.0070			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0167			
	Gehirn	0.0125			
	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0213			
	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0061			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0168			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0227			
	Hoden_n	0.0125			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0098			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0261			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0068			
	Prostata_n	0.0243			
	Sinnesorgane	0.0000			
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 240

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0023	0.0000	undef
	Brust	0.0035	0.0014	2.5048	0.3992
	Dickdarm	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0000	0.0024	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0041	0.0020	2.0309	0.4924
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0010	0.0137	0.0738	13.5431
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0037	0.9278	1.0778
20	Niere	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0057	0.0039	1.4470	0.6911
	T_Lymphom	0.0126	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0015	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0062	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0027			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointenstinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefaessee	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0058			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0098			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0040			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0180			
	Prostata_n	0.0485			
	Sinnesorgane	0.0000			
70	Weisse Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 241

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0070	0.0098	0.7157	1.3973
	Dickdarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0320	0.0000	undef
10	Eierstock	0.0030	0.0024	1.2443	0.8036
	Endokrines_Gewebe	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0012	0.0199	0.0580	17.2337
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0045	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0085	0.0052	1.6279	0.6143
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0103	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000			
	Penis	0.0107			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0136			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0040			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0180			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 242

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0000	0.0047	0.0000	undef
	Brust	0.0018	0.0028	0.6262	1.5969
	Dickdarm	0.0057	0.0028	2.0184	0.4955
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0048	0.0035	1.3580	0.7364
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0128	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0057	0.0026	2.1706	0.4607
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0030	0.0046	0.6426	1.5563
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0030			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0045			
	Prostata_n	0.0121			
	Sinnesorgane	0.0000			
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 243

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0026	0.0014	1.8786	0.5323
	Dickdarm	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Duendarm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0059	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines Gewebe	0.0032	0.0071	0.4527	2.2091
	Gehirn	0.0012	0.0090	0.1289	7.7552
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0029	0.0018	1.5786	0.6335
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0047	0.0013	3.6176	0.2764
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0030	0.0092	0.3213	3.1125
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					

		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
35	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0125
	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0072
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
45	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0251

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Brust_t	0.0000
	Dickdarm_t	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
55	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0041
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden_n	0.0084
	Hoden_t	0.0000
	Lunge_n	0.0000
	Lunge_t	0.0000
65	Nerven	0.0020
	Niere_t	0.0000
	Ovar_Uterus	0.0180
	Prostata_n	0.0121
	Sinnesorgane	0.0000
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 244

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0117	0.0117	0.9957	1.0043
	Brust	0.0097	0.0070	1.3777	0.7259
	Dickdarm	0.0077	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0165	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0080	0.0071	1.1317	0.8836
	Gehirn	0.0075	0.0080	0.9429	1.0605
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0046	0.0063	0.7324	1.3653
15	Herz	0.0071	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0120	0.0059	2.0357	0.4912
	Lunge	0.0049	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0072	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0171	0.0111	1.5463	0.6467
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0050	0.0166	0.2992	3.3427
	Prostata	0.0198	0.0078	2.5323	0.3949
	T_Lymphom	0.0051	0.0149	0.3381	2.9576
	Uterus	0.0163	0.0046	3.5341	0.2830
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0123	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0053			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0141			
30	Sinnesorgane	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0145			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0061			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0272			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0081			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0259			
	Hoden_n	0.0084			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0020			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0090			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
70	Weisse Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 245

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0117	0.0117	0.9957	1.0043
	Brust	0.0132	0.0084	1.5655	0.6388
	Dickdarm	0.0134	0.0028	4.7095	0.2123
	Duenn darm	0.0027	0.0107	0.2577	3.8812
10	Eierstock	0.0030	0.0072	0.4148	2.4109
	Endokrines Gewebe	0.0032	0.0106	0.3018	3.3136
	Gehirn	0.0156	0.0070	2.2381	0.4468
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0093	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0122	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0117	0.0037	3.1573	0.3167
	Magen-Speiserohre	0.0145	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0045	0.0048	0.9285	1.0770
	Pankreas	0.0033	0.0110	0.2992	3.3427
	Prostata	0.0207	0.0000	undef	0.0000
	T_Lymphom	0.0025	0.0075	0.3381	2.9576
	Uterus	0.0089	0.0138	0.6426	1.5563
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0055	0.0607	0.0902	11.0896
	Haematopoetisch	0.0000			
	Penis	0.0134			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0235			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
	Lunge	0.0145			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0136			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0098			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden_n	0.0084			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0098			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0080			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0135			
	Prostata_n	0.0061			
	Sinnesorgane	0.0387			
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			



## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 246

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0000	0.0141	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0042	0.0000	undef
	Dickdarm	0.0115	0.0028	4.0367	0.2477
	Duenn darm	0.0082	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0000	0.0024	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0048	0.0053	0.9054	1.1045
	Gehirn	0.0064	0.0030	2.1276	0.4700
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0046	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0161	0.0059	2.7142	0.3684
	Lunge	0.0058	0.0074	0.7893	1.2669
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0037	1.3917	0.7186
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2992	3.3427
	Prostata	0.0057	0.0026	2.1706	0.4607
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0044	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000			
	Penis	0.0107			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0188			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0136			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0195			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0050			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0068			
	Prostata_n	0.0182			
	Sinnesorgane	0.0000			
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 247

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0136	0.1840	5.4361
	Blase	0.0039	0.0023	1.6595	0.6026
	Brust	0.0106	0.0056	1.8786	0.5323
	Dickdarm	0.0096	0.0142	0.6728	1.4864
	Duenn darm	0.0027	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0030	0.0048	0.6222	1.6073
	Endokrines Gewebe	0.0016	0.0231	0.0696	14.3590
	Gehirn	0.0139	0.0040	3.4816	0.2872
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0093	0.0127	0.7324	1.3653
15	Herz	0.0081	0.0275	0.2954	3.3858
	Hoden	0.0000	0.0118	0.0000	undef
	Lunge	0.0078	0.0092	0.8419	1.1877
	Magen-Speiserohre	0.0072	0.0128	0.5668	1.7644
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0112	0.0145	0.7737	1.2924
	Pankreas	0.0066	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0113	0.0065	1.7364	0.5759
	T_Lymphom	0.0152	0.0224	0.6762	1.4788
	Uterus	0.0059	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse Blutkoerperchen	0.0096	0.0607	0.1578	6.3369
	Haematopoetisch	0.0094			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
35	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0260
40	Herz-Blutgefuesse	0.0071
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0254
	Niere	0.0371
	Placenta	0.0061
45	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0126

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0068
	Brust_t	0.0000
	Dickdarm_t	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
55	Eierstock_t	0.0101
	Endokrines Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0156
	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0194
	Hoden_n	0.0042
	Hoden_t	0.0000
	Lunge_n	0.0195
	Lunge_t	0.0000
65	Nerven	0.0181
	Niere_t	0.0000
	Ovar_Uterus	0.0180
	Prostata_n	0.0121
	Sinnesorgane	0.0232
70	Weisse Blutkoerperchen	0.0000

## 2.2 Fisher-Test

Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz *S* eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.

Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu *S* homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu *S* gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

### Beispiel 3

#### Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz

Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz *S* vollzieht sich in drei Schritten:

1. Ermittlung aller zu *S* homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST
2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research 23 4992-4999) (Contig-Bildung).
3. Berechnung einer Konsens-Sequenz *C* aus den assemblierten Sequenzen

Die Konsens-Sequenz *C* wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz *S*. Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für *S* abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird versucht, *C* in gleicher Weise wie *S* zu verlängern. Diese Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen  $C_i$  ( $i$ : Index der Iteration) fortgesetzt, bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if  $H_0$  Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while  $C_i > C_{i-1}$ ; Abbruchkriterium II).

Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplette oder annähernd komplette Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Prostatatumor-Gewebe gefunden werden.

Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORF's) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

#### Beispiel 4

##### Kartierung der Nukleinsäure-Sequenzen auf dem humanen Genom

Die Kartierung der humanen Gene erfolgte unter Verwendung des Stanford G3 Hybrid-Panels (Stewart et al., 1997), der von Research Genetics, Huntsville, Alabama vertrieben wird. Dieses Panel besteht aus 83 verschiedenen genomischen DNAs von Mensch-Hamster Hybridzelllinien und erlaubt eine Auflösung von 500 Kilobasen. Die Hybridzelllinien wurden durch Fusion von bestrahlten diploiden menschlichen Zellen mit Zellen des Chinesischen Hamsters gewonnen. Das Rückhaltemuster der humanen Chromosomenfragmente wird mittels genspezifischer Primer in einer Polymerase-Kettenreaktion bestimmt und mit Hilfe der vom Stanford RH Server verfügbaren Software analysiert ([http://www.stanford.edu/RH/rhserver\\_form2.html](http://www.stanford.edu/RH/rhserver_form2.html)). Dieses Programm bestimmt den STS-Marker, der am nächsten zum gesuchten Gen liegt. Die entsprechende zytogenetische Bande wurde unter Verwendung des "Mapview" - Programms der Genome Database (GDB), (<http://gdbwww.dkfz-heidelberg.de>) bestimmt.

Neben dem kartieren von Genen auf dem menschlichen Chromosomensatz durch verschiedene experimentelle Methoden ist es möglich die Lage von Genen auf diesem durch bioinformatische Methoden zu bestimmen. Dazu wurde das bekannte Programm e-PCR eingesetzt (Schuler GD (1998) Electronic PCR: bridging the gap between genome mapping and genome sequencing. Trends Biotechnol 16; 456-459, Schuler GD (1997). Sequence mapping by electronic PCR. Genome Res 7; 541-550). Die dabei eingesetzte Datenbank entspricht nicht mehr der in der Literatur angegebenen, sondern ist eine Weiterentwicklung, welche Daten der öffentlichen Datenbank RHdb (<http://www.ebi.ac.uk/RHdb/index.html>) einschließt. Analog zu der Kartierung durch die Hybrid-Panels erfolgte eine Auswertung der Ergebnisse mit der obengenannten Software und der Software des Whitehead-Institutes (<http://carbon.wi.mit.edu:8000/cgi-bin/contig/rhmapper.pl>).

**Beispiel 5****Gewinnung von genomischen DNA-Sequenzen (BAC-Klone)**

- 5 Die die entsprechenden cDNA enthaltenen genomischen BAC-Klone  
 (http://www.tree.caltech.edu/; Shizuya, H., B. Birren, U.-J. Kim, V. Mancino, T. Slepak,  
 Y. Tachiiri, M. Simon (1992) Proc. Natl. Acad. Sci., USA 89: 8794-8797) wurden mit der  
 Prozedur des "down-to-the-well" isoliert. Bei dieser Prozedur wird eine Bibliothek  
 bestehend aus BAC-Klonen (die Bibliothek überdeckt ca. 3 x das humane Genom) in  
 10 ein bestimmtes Raster gebracht, so daß die DNA dieser Klone mit einer spezifischen  
 PCR untersucht werden kann. Dabei erfolgt ein "Poolen" der DNA verschiedener BAC-  
 Klone. Durch eine kombinatorische Analyse ist es möglich die Klone zu bestimmen, die  
 die gesuchte DNA enthalten. Durch das Festlegen der Klone kann die Adresse der  
 Klone in der Bibliothek bestimmt werden. Diese Adresse zusammen mit dem Namen  
 15 der verwendeten Bibliothek legen die Klone und damit die DNA-Sequenz dieser Klone  
 eindeutig fest.

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die erfolgreiche Isolierung der genomischen  
 BAC-Klone ohne, diese darauf zu beschränken.

Die verwendete Bibliotheken waren CITB B und CITB C:

20

Seq. ID Nr.	Identifizierte BACs		
3	320-L-23		
4	461-O-11		
8	283-P-15	322-B-7	317-H-19
24	272-N-9	340-L-19	554-D-3
31	293-K-21	337-I-17	363-J-15
46	410-A-9		
47	268-B-2	532-B-10	

Tabelle 1

Seq ID	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der beanspruchten Sequenz in Basen	Seq ID der Ausgangssequenz
2	im normalen Prostatagewebe erhöht	ZYXIN 2	LIM	7q33-7q35	D7S661	202	1437	
3	in gesundem Prostata- und Brustgewebe erhöht	Unbekannt		17p13.3	D17S2199- D17S1548	207	707	
4	im normalen Prostatagewebe erhöht	PCCMT		1p36.31	D1S2145- D1S2132	215	1265	
6	im normalen Prostatagewebe erhöht	Unbekannt	UBIQUITIN_CON- JUGAT_2	1q21.2	D1S3384- D1S305	225	1330	
7	im normalen Prostatagewebe erhöht	Unbekannt		11q11-q13.1	D11S4205- D11S4535	231	762	
8	im normalen Prostatagewebe erhöht	Humanes Homolog des TEGT-Proteins aus der Ratte		10q23.1	D10S551- D10S532	246	1228	
9	im normalen Blasen- und Prostatagewebe erhöht	SRP20	irm	6p21.2	NIB1566-WI- 4186	243	914	
10	4x stärker als im normalen Prostatagewebe	Muf1		1p33-p32.3	D1S1558- D1S232	315	1126	
12	im normalen Prostatagewebe erhöht	Unbekannt		7p21.3-7p14.1	D7S2363	219	538	
13	im normalen Prostatagewebe erhöht	Unbekannt		22q12.1 - 22q13.1	D22S1144	210	321	
14	ausschließlich in der normalen Prostata	E4BP4	B_ZIP	9q22.1-q22.2	D9S787	217	847	
16	stärker im normalen Brust- und Prostatagewebe als im entsprechenden Tumor	HUMANER PHOSPHOLEMMAN PRECURSOR		19q13.1		210	573	
17	verstärkt in der normalen Prostata, verglichen mit dem entsprechenden Tumorgewebe	Mögliches Humans Homolog zu S1R		12q13.13 - 12q14.1	D12S1700- D12S1601	244	486	

Seq ID	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der beanspruchten Sequenz in Basen	Seq ID der Ausgangssequenz
18	ca. 6x stärker in der normalen Prostata, verglichen mit dem entsprechenden Tumorgewebe	Unbekannt		10q23.32 - 10q24.31	D10S551-D10S532	215	662	
19	ca. 2x stärker im normalen Prostata-gewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	Unbekannt		2q35	D2S433-D2S295	225	750	
21	ca. 3x stärker im normalen Prostata-gewebe als im entsprechenden Tumorgewebe, ca. 7x häufiger in Brust- und Lungentumoren als in entsprechenden Normalgeweben	Homolog zu JANUS-A aus Drosophila melanogaster		9q34.13	D9S158-D9S2053	229	1001	
23	stärker im normalen Prostata-gewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	Unbekannt		1p36.13-p32.3	SGC32968	184	580	
24	5x stärker im normalen Prostata-gewebe als im entsprechenden Tumorgewebe, stark exprimiert in Hauttumoren	EIF-6		20q11.1-q11.22		237	740	

Seq ID	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der beanspruchten Sequenz in Basen	Seq ID der Ausgangssequenz
26	stärker im normalen Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	Homolog zu HUMANem SORCIN		1p36.11-p34.3	D1S233-D1S2548	219	975	
27	stärker im normalen Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	Unbekannt		9p21.1-9q12	SHGC-7278-SHGC-33912	259	854	
28	ca. 3x stärker im normalen Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	Unbekannt		11q12.1 - 11q13.5	SHGC-15247-NIB715	288	802	
29	stärker im normalen Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	IL-6SAG		20p11.23-p11.21	D20S807-SHGC-11944	224	807	
30	ca. 4x stärker im normalen Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	Unbekannt		Xp11.23-p11.21	WI-5587-WI-5717	276	777	
31	stärker im normalen Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	Unbekannt				238	501	
32	stärker im normalen Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe, 10x erhöht in Muskel- und Skelettumoren	Unbekannt		3p21.1 - 3p22.2	WI-9590-WI-3521	284	1104	



Seq ID	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der beanspruchten Sequenz in Basen	Seq ID der Ausgangssequenz
33	in normalem Prostatagewebe erhöht	Humanes Homolog des WW-domain binding protein 1 aus der Maus		2p13.1	D2S145-SHGC-37085	208	810	
35	in normalem Prostatagewebe und in gastrointestinalen Tumoren erhöht	Unbekannt		3p23-p21.1	SHGC-32684-D3S4150	223	826	
36	in normalem Prostatagewebe erhöht	Id1	HLH	20p11.22 - 20q11.21	WI-1163	254	578	
37	in normalem Prostatagewebe erhöht	Unbekannt		8p12	SHGC-5722-SHGC-5765	293	799	
39	in Prostata Tumoren erhöht	C1 inhibitor	serpin	11p13-11q13.1	SHGC-30227-D11S1983	262	1743	
41	stärker in normalem Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	Acyl-protein thioesterase		6p21.31-q21.2	D6S1868-D6S1867	267	1183	
42	stärker in normalem Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	Unbekannt		16q12.1-22.1	SHGC-6119-SHGC-15371	270	768	
43	ca. 6x stärker in normalem Prostata-gewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	Unbekannt		17q11.2-q21.31	SHGC-30259-SHGC-13493	279	1029	

Seq ID	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der beanspruchten Sequenz in Basen	Seq ID der Ausgangssequenz
44	ca. 3x stärker in normalem Prostata-gewebe als im entsprechenden Tumorgewebe, ca. 8x häufiger im Gehirntumor als im vergleichbaren Normalgewebe	Unbekannt		16q23.1-q24.2	SHGC-32665-SHGC-11833	237	736	
46	in normalem Prostata-gewebe erhöht	Unbekannt		19p13.3	IB1264-WI-6480	259	1159	
47	in normalem prostaticischen, hepatischen und ovarial Gewebe erhöht	Unbekannt		6q13-q21		159	690	
51	in normalem Prostata-gewebe und in haematopoetischen Tumoren erhöht	Unbekannt		1p36.11	D1S3131-D1S2674	250	1186	
52	in normalem Prostata-gewebe und in Gehirntumoren erhöht	SPARC	kazal	5q21.1-q33.2	WI-7565-WI-6351	261	1029	
53	in normalem Prostata-gewebe erhöht	Unbekannt		15q23-24.1	D15S1241-D15S197	261	985	
54	in normalem Prostata-gewebe und in Skelettumoren erhöht	Unbekannt		4p14	D4S405-SHGC-9448	246	622	
55	in normalem Prostata-gewebe und hepatischen Tumoren erhöht	B4-2		6q16.2	D6S1644-D6S2057	239	1129	

Seq ID	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der beanspruchten Sequenz in Basen	Seq ID der Ausgangssequenz
58	ca. 3x stärker in normalem Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	Unbekannt		1q12	SHGC-32015-D1S442	160	877	
59	ca. 5x stärker in normalem Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	Methyl-CpG bindendes Protein MBD2		18q21.32-18q21.32		288	1329	
60	stärker in normalem Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	Unbekannt		11q21-11q23.2		310	697	
61	in normalem Prostatagewebe und in endokrinen Tumoren erhöht	Unbekannt		17p11.2	AFMA126YD5	378	1389	
62	in normalem Prostata- und Brustgewebe erhöht	Unbekannt		4q21.21 - 4q21.23	WI-7565-WI-9200	260	535	
63	in normalem Prostata-, Blasen- und Brusttumoren erhöht	Unbekannt		16p12.3 - 16p13.11	AFMB354YF9	216	1098	
64	1.8088 x im gutartigen Prostatagewebe exprimiert	Homolog zu RanBP7		11p15.3-p15.5	D11S909-D11S4149	302	1860	
217	2.894 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostataumor exprimiert	Unbekannt	UBIQUITIN_CON JUGAT	1q21.2	D1S3384-D1S305		1880	6

Seq ID	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der beanspruchten Sequenz in Basen	Seq ID der Ausgangssequenz
218	2.1705 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	Unbekannt		11q11-q13.1	D11S4205- D11S4535		1024	7
219	2.7494 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	Humanes Homolog des TEGT aus der Ratte		10q23.1	D10S551- D10S532		2383	8
220	2.46 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	TXBP151	COILS	7p21.3-7p14.1	D7S2363		3210	12
221	1.7364 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	Mögliches Humans Homolog zu S1R		12q13.13 - 12q14.1	D12S1700- D12S1601		1030	17
222	2.8941 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	Unbekannt		10q23.32 - 10q24.31	D10S551- D10S532		1216	18
223	0.8348 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	Homolog zu HYA22		2q35	D2S433- D2S295		2369	19
224	1.0129 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	Unbekannt		1p36.13-p32.3	SGC32968		849	23

Seq ID	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der beanspruchten Sequenz in Basen	Seq ID der Ausgangssequenz
225	8.6822 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	Homolog zu HUMANem SORCIN	EF_HAND_2	1p36.11-p34.3	D1S233-D1S2548		1502	26
226	Es wurde kein ähnliche Sequenz im Prostatatumor gefunden	Unbekannt		9p21.1-9q12	SHGC-7278-SHGC-33912		1892	27
227	2.4117 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	IL-6SAG		20p11.23-p11.21	D20S807-SHGC-11944		1522	29
228	2.1706 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	Unbekannt		Xp11.23-p11.21	WI-5587-WI-5717		2016	30
229	Es wurde kein ähnliche Sequenz im Prostatatumor gefunden	Unbekannt					765	31
230	1.447 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	Unbekannt		3p21.1 - 3p22.2	WI-9590-WI-3521		1611	32
231	2.6529 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	Humanes Homolog des WW-domain binding protein 1 aus der Maus		2p13.1	D2S145-SHGC-37085		1473	33
232	3.1353 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	Homolog zu der OLIGOSACCHARYL TRANSFERASE STT3 Untereinheit aus C. elegans		3p23-p21.1	SHGC-32684-D3S4150		2503	35

Seq ID	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der beanspruchten Sequenz in Basen	Seq ID der Ausgangssequenz
233	2.7132 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostata tumor exprimiert	Unbekannt		8p12	SHGC-5722-SHGC-5765		1756	37
234	Es wurde kein ähnliche Sequenz im Prostata tumor gefunden	Acyl-protein thioesterase		6p21.31-q21.2	D6S1868-D6S1867		1286	41
235	Es wurde kein ähnliche Sequenz im Prostata tumor gefunden	Unbekannt		16q12.1-22.1	SHGC-6119-SHGC-15371		1230	42
236	2.6529 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostata tumor exprimiert	Stat5b		17q11.2-q21.31	SHGC-30259-SHGC-13493		2328	43
237	3.2558 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostata tumor exprimiert	Unbekannt		16q23.1-q24.2	SHGC-32665-SHGC-11833		1767	44
238	4.3411 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostata tumor exprimiert	Unbekannt		19p13.3	IB1264-WI-6480		2311	46
239	3.1353 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostata tumor exprimiert	SDP3	PX	6q13-q21			1772	47
240	1.447 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostata tumor exprimiert	Unbekannt		1p36.11	D1S3131-D1S2674		2409	51

Seq ID	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der beanspruchten Sequenz in Basen	Seq ID der Ausgangssequenz
241	1.6279 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	Unbekannt		15q23-24.1	D15S1241-D15S197		2594	53
242	2.1706 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	Unbekannt		4p14	D4S405-SHGC-9448		1012	54
243	3.6176 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	Unbekannt		1q12	SHGC-32015-D1S442		1206	58
244	2.5323 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	Unbekannt		17p11.2	AFMA126YD5		2514	61
245	Es wurde kein ähnliche Sequenz im Prostatatumor gefunden	LIMP II	CD36	4q21.21 - 4q21.23	WI-7565-WI-9200		3903	62
246	2.1706 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	Unbekannt		16p12.3 - 16p13.11	AFMB354YF9		1730	63
247	1.7364 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	Homolog zu RanBP7		11p15.3-p15.5	D11S909-D11S4149		3439	64

Tabelle 2

<u>DNA-Sequenz</u> <u>ID No.</u>	<u>ORF Sequenz ID No</u>							
2	66							
3	67	68	69	70				
4	71							
6	73							
7	74							
8	75							
9	82							
10	83							
12	90							
14	91							
16	92							
17	93							
18	97	98	99	100	101			
19	102	103	104	105				
21	109							
23	111	112	113					
24	114							
26	116							
27	117	118	119					
28	120	121	122	123	124			
29	128							
30	129	130	131					
31	132							
32	133							
33	134	135	136	137				
35	139	140	141	142	143	144	145	146
36	147	148	149					
39	152							
41	154	155	156	157				
42	158	159	160	161				
43	162	163	164					
44	165							
46	168	169	170	171	172			
47	173							
51	183	184	185	186	187			
52	188	189	190	191	192	193		
54	194							
55	195							
58	201							
59	202	203	204	205	206			
60	207	208	209					
61	210							
62	214	215	216					
217	248							
218	249	250						
219	251							
220	252							
221	253							



<u>DNA-Sequenz</u>	<u>ORF Sequenz</u>
<u>ID No.</u>	<u>ID No</u>
222	254 255
223	256
224	257
225	258
226	259 260
227	261 262
228	263
229	264 265
230	266
231	267 268
232	269
233	270 271
234	272 273
235	274 275
236	276 277
237	278 279
238	280 281
239	282
240	283 284
241	285 286
242	287 288
243	289 290
244	291 292
245	293
246	294
247	295

---

5 Die erfinderischen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 2-4, 6-10, 12-14, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35-37, 39, 41-44, 46, 47, 49, 51-55, 58-64 und Seq. ID No 217-247 der ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No. 66-71, 73-75, 82, 83, 90-93, 97-105, 109, 111-114, 116-124, 128-137, 139-149, 152, 154-165, 168-173, 183-195, 214-216 und bis Seq. ID No. 248-295 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

**Sequenzprotokoll**

## 5 (1) ALLGEMEINE INFORMATION:

## (i) ANMELDER:

- 10 (A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH  
(B) STRASSE: Ihnestrasse 63  
(C) STADT: Berlin  
(E) LAND: Deutschland  
(F) POST CODE (ZIP): D-14195  
(G) TELEFON: (030)-8413 1672  
(H) TELEFAX: (030)-8413 1671

15

- (ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus  
Prostatagewebe

20

- (iii) Anzahl der Sequenzen: 216

## (iv) COMPUTER READABLE FORM:

- 25 (A) MEDIUM TYPE: Floppy disk  
(B) COMPUTER: IBM PC compatible  
(C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS  
(D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

## 30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 1437 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

40

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## 45 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 2:

```
CTCCTTGGA GTCCCTTCC AGCTCCCAGC CTCTGCCCCA GGTTCGGGCT CCGGCTCAGA 60
GCCAGACACA GTTCCATGTT CAGCCCCAGC CCCAGCCCCA GCCTCAGGTC CAACTCCATG 120
TCCAGTCCCA GACCCAGCCT GTGTCTTTGG CTAACACCCA GCCCCGAGGG CCCCAGCCT 180
10 CATCTCCGGC TCCAGCCCCT AAGTTTCTC CAGTGACTCC TAAGTTTACT CCTGTGGCTT 240
CCAAGTTCAG TCCTGGAGCC CCAGGTGGAT CTGGGTCACA ACCAAATCAA AAATTGGGGC 300
ACCCCGAAGC TCTTTCTGCT GGCACAGGCT CCCCTCAACC TCCCAGCTTC ACCTATGCCC 360
AGCAGAGGGA GAAGCCCCGA GTGCAGGAGA AGCAGCACCC CGTGCCCCCA CCGGCTCAGA 420
ACCAAAACCA GGTGCGCTCC CCTGGGGCCC CAGGGCCCCCT GACTCTGAAG GAGGTGGAGG 480
15 AGCTGGAGCA GCTGACCCAG CAGCTAATGC AGGACATGGA GCATCCTCAG AGGCAGAATG 540
TGGCTGTCAA CGAACTCTGC GGCCGATGCC ATCAACCCCT GGCCCGGGCG CAGCAGCCGT 600
CCGCGCTCTA GGGCAGCTGT TCCACATCGC CTGCTTCACC TGCCACCACT GTGCGCAGAG 660
CTCCAGGGCC AGCAGTTCTA CAGTCTGGAG GGGGCGCCGT ACTGCGAGGG CTGTTACACT 720
GACACCTTGG AGAAGTGTA CACCTGCGGG GAGCCATCA CTGACCGCAT GCTGAGGGCC 780
20 ACGGGCAAGG CCTATCACCC GCACTGCTTC ACCTGTGTGG TCTGCGCCCG CCCCTGGAG 840
GGCACCTCCT TCATCGTGGA CCAGGCCAAC CGGCCCACT GTGTCCCCGA CTACCACAAG 900
CAGTACGCCC CGAGGTGCTC CGTCTGCTCT GAGCCCATCA TGCCCTGAGCC TGGCCGAGAT 960
GAGACTGTGC GAGTGGTCGC CCTGGACAAG AACTTCCACA TGAAGTGTTA CAAGTGTGAG1020
GACTGCGGGA AGCCCCTGTC GATTGAGGCA GATGACAATG GCTGCTTCCC CCTGGACGGT1080
25 CACGTGCTCT GTCGGAAGTG CCACACTGCT AGAGCCCAGA CTTGAGTGAG GACAGGCCCT1140
CTTCAGACCG CAGTCCATGC CCCATTGTGG ACCACCCACA CTGAGACCAC CTGCCCCCAC1200
CTCAGTTATT GTTTTGATGT CTAGCCCCTC CCATTTCCAA CCCCTCCCTA GCATCCCAGG1260
TGCCCTGACC CAGGACCCAA CATGGTCTAG GGATGCAGGA TCCCCGCCCT GGGGTCTGGT1320
CCTCGCCCAT CTTGCAGGGA TTGCCACCG TCTTCCAGAC ACCCCACCTG AGGGGGGCAC1380
30 AAGGTTTAGT GCTGCTGCTT TCACTGCTGC ACCCGCGCCC TCGGCCGGCC CCCCAG 1437
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3:

35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 707 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3:

	TGCGGCCCGG	GCCTTAAAGC	GTCCATTTC	CAGCGGCCCT	CCGCTGCGAG	ACCGCAGCCC	60
5	TTCTCTGGAG	TCTCAGAGCC	GCAAGACACC	ACGACTCCCA	GAGGACCTTG	CGTCGGGCAA	120
	GAAAGACTAC	ACCTTCCAGA	GGCCTCTGCG	GCGCCGCGAC	AGGAAGCGGC	GGGCGAGCCG	180
	AGTGTCTTGT	CGCGTGGATC	CGAGCGACCA	TGGTGGCCCG	GGTGTGGTCG	CTGATGAGGT	240
	TCCTCATCAA	GGGAAGTGTG	GCTGGGGGCG	CCGTCTACCT	GGTGTACGAC	CAGGAGCTGC	300
	TGGGGCCCAG	CGACAAGAGC	CAGGCAGCCC	TACAGAAGGC	TGGGGAGGTG	GTCCCCCCCG	360
10	CCATGTACCA	GTTTCAGCCAG	TACGTGTGTC	AGCAGACAGG	CCTGCAGATA	CCCCAGCTCC	420
	CAGCCCCTCC	AAAGATTTAC	TTTCCCATCC	GTGACTCCTG	GAATGCAGGC	ATCATGACGG	480
	TGATGTCAGC	TCTGTGCGTG	GCCCCCTCCA	AGGCCGCGCA	GTAATCCAAG	GAGGGCTGGG	540
	AGTATGTGAA	GGCGCGCACC	AAGTAGCGAG	TCAGCAGGGC	CGCCTGCCCC	GGCCAGAACG	600
	GGCAGGGCTG	CCACTGACCT	GAAGACTCCG	GACTGGGACC	CCACTCCGAG	GGCAGGCCTC	660
15	CCGATTGCCG	GCCCAATAAA	GGACTTCAGA	AGTGAAAAAA	AAAAAAA		707

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 20 (A) LÄNGE: 1265 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- 25 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

35

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4:

	CACTGGGATG	GGCATACT	ACTCACAGGG	TGTGTGAGAT	GAGAAGAACA	CGTCAANGTT	60
	TTTATACTCA	GATGTGGGAG	CGACATCAAT	GAAATCTGTA	CTGTATGAAA	GCTACACAAA	120
	AATGGGCAGA	CATTGGTTA	ATTGTGCCAG	ATACCTAAAA	TGTATGTTCA	GAAAAGCATT	180
45	TTATCACTC	AGAAATATGA	CTTATTTCTA	GATTTTCATG	CTTAATGAAT	TTTTTCATTG	240
	TTATATATAC	CAAAGAGGCT	TACGGGTTC	TTGATTGGTT	TGAAAACCAG	ACAGACGGCC	300
	GTGAGCCACC	ACGCCAGCC	AAGATGAACT	CCTTAAGGAC	AGGATTTGGT	AAGTGATTGA	360
	CTTCTTTTTA	GTTCCATGAT	CTTGAGATTA	TTTTTAGCTT	TATAAATTTA	GCAGTGGCAG	420
	GGCCCGTGGA	GAATCAGGTT	AATGAGGTAA	AGGCTTTCTG	GGTATTTGCT	GCCAAGGCCA	480
50	CATCACCAAT	TTTCTCGATT	TAAAAAACTG	TCAAGAGATT	TATTTTTTCCA	TTGCAGGTTT	540
	TAAAGTGGAG	ATTCTGAAGT	GGAAAAATAGG	TACTGTCAGA	ACAAAGCTAC	CTGGAAACAG	600
	CATAGAGTGA	AGCCTTTTCGT	GAGGGCTTGC	AGGCCGCTGC	TGAGTGGCAG	TTTACAGAAG	660
	AGGTCGCGGG	GTGAGCCTCT	TAGCAGGACA	GAAAACAAGG	CAGCAGCGCA	CCTGCCACCC	720

CTTACGAGC TGCTCCTTGA GCCTAAAAAG TAGGCTTTAT TCATCCCTTC TGTTCAATTA 780  
 CCAACCTGGG GGATTGATAC GACCGGGGAA AATGTTCTTA AACCAGGAAG CTGCGTTAGC 840  
 GAATCAGCTT TGGTAAGATC TCGCCAACAG CTAGCTGCTT AGGAGTACCC CCACGATACG 900  
 CACAGCACAC CACTGTCCCT TCACTGCACT TTCTTCCTGC CTTAGGTAGT TGGGCTTGCC 960  
 5 ACCCTAGTTT GCTTTTGTAG TGGTTTGGCA AGGTTAGAAG GCCTCGGCCC CCTCTGTCAT1020  
 GCTGGGAAGT GCCTACTCTC TGGGCCACTG CTGCAGAGGC CGTGGCACTT GTCATGGGTT1080  
 TGGAAGACCC AGCCATCTGC AGCAGAGGCA GCCTATCCCA TTGCAAGGAG AGGAACTGAA1140  
 CGGAGTAATT ATTCTACTCT TCTTTTACA TAAATGGTTT AATTTAAATA ATTCAAAATT1200  
 TGGAATTTCC TTTCACAGAT ACTGATAATC CTTTCCAGTT CTTAAATAAA AACTGCACTT1260  
 10 GGATT 1265

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 6:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 15 (A) LÄNGE: 1330 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNAs

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

30

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

- 35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 6:

CTTGGAGAGG CTGGTGGACA TAAAGAAAGG GAATACTCTG CTATTGCAGC ATCTGAAGAG 60  
 GATCATCTCC GACCTGTGTA AACTCTATAA CCTCCCTCAG CATCCAGATG TGGAGATGCT 120  
 GGATCAACCC TTGCCAGCAG AGCAGTGCAC ACAGGAAGAC GTGTCTTCAG AAGATGAAGA 180  
 40 TGAGGAGATG CCTGAGGACA CAGAAGACTT AGATCACTAT GAAATGAAAG AGGAAGAGCC 240  
 AGCTGAGGGC AAGAAATCTG AAGATGATGG CATTGGAAAA GAAACTTGG CCATCCTAGA 300  
 GAAATTAATA AAGAACCAGA GGCAAGATTA CTTAAATGGT GCAGTGTCTG GCTCGGTGCA 360  
 GGCCACTGAC CGGCTGATGA AGGAGCTCAG GGATATATAC CGATCACAGA GTTTCAAAGG 420  
 CGGAAACTAT GCAGTCGAAC TCGTGAATGA CAGTCTGTAT GATTGGAATG TCAAACCTCCT 480  
 45 CAAAGTTGAC CAGGACAGCG CTTTGCACAA CGATCTCCAG ATCCTCAAAG AGAAAGAAGG 540  
 AGCCGACTTC ATTCTACTTA ACTTTTCCTT TAAAGATAAC TTTCCCTTTG ACCCACCATT 600  
 TGTCAGGGTT GTGTCTCCAG TCCTCTCTGG AGGGTATGTT CTGGGCGGAG GGGCCATCTG 660  
 CATGGAAGTT CTCACCAAAC AGGGCTGGAG CAGTGCCTAC TCCATAGAGT CAGTGATCAT 720  
 GCAGATCAGT GCCACACTGG TGAAGGGGAA AGCACGAGTG CAGTTTGGAG CCAACAAATC 780  
 50 TCAATACAGT CTGACAAGAG CACAGCAGTC CTACAAGTCC TTGGTGCAGA TCCACGAAAA 840  
 AAACGGCTGG TACACACCCC CAAAAGAAGA CGGCTAACCC TGGAGTATCA CCCTTCCTCC 900  
 CTCCCCAGGC ACCACTGGAC CAATTACCTT TGAATGCTGT ATTTGGATCT CACGCTGCCT 960  
 CTGTGGTTCC CTCCCTCATT TTTCTGGAC GTGATAGCTC TGCCTATTGC AGGACAAATGA1020

TGGCTATTCT AAACGCTAAG GAAAAAAAAC AAACACAGAA CTGTTTCAAG TACTCAAGAC1080  
 TGACTTACAG ACCAACCAAC CACCTTGCTG GAACCCCTTG TAGCAGGCAT TCTTATAAAA1140  
 GAAACTTTTCG AGCCTCCTTA TATTGCTGGA AACTCAGCTG TGCTCCAGAC TAGAGCCTCC1200  
 TTACCTATGC TATGGATTTT TAATTTATTT TCTCTTATTT CATGTACACT GCTTTTTTTG1260  
 5 GTTACAGTGT ATGATGGATG TGTATGAAAA AAATGTATCT TTGGGAAAAC AATTACAGTT1320  
 TGTTAATTTG 1330

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

### 10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 762 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 7:

GCGGTCGGTA GTGCGGCGCT GTTTAAAGAT GGCGGCGGAG GAACCTCAGC AGCAGAAGCA 60  
 GGAGCCGCTG GGCAGCGACT CCGAAGGTGT TAACTGTCTG GCCTATGATG AAGCCATCAT 120  
 35 GGCTCAGCAG GACCGAATTC AGCAAGAGAT TGCTGTGCAG AACCCTCTGG TGTAGAGCG 180  
 GCTGGAGCTC TCGGTCCTAT ACAAGGAGTA TGCTGAAGAT GACAACATCT ATCAACAGAA 240  
 GATCAAGGAC CTCCACAAAA AGTACTCGTA CATCCGCAAG ACCAGGCCTG ACGGCAACTG 300  
 TTTCTATCGG GCTTTCGGAT TCTCCCACTT GGAGGCACTG CTGGATGACA GCAAGGAGTT 360  
 GCAGCGGTTT AAGGCTGTGT CTGCCAAGAG CAAGGAAGAC CTGGTGTCCC AGGGCTTCAC 420  
 40 TGAATTCACA ATTGAGGATT TCCACAACAC GTTCATGGAC CTGATTGAGC AGGTGGAGAA 480  
 GCAGACCTCT GTCGCCGACC TGCTGGCCTC CTTCAATGAC CAGAGCACCT CCGACTACCT 540  
 TGTGGTCTAC CTGCGGCTGC TCACCTCGGG CTACCTGCAG CGCGAGAGCA AGTTCTTCGA 600  
 GCACTTCATC GAGGGTGGAC GGACTGTCAA GGAGTTCTGC CAGCAGGAGG TGGAGCCCAT 660  
 GTGCAAGGAG AGCGACCACA TCCACATCAT TGCGCTGGCC CAGGCCCTCA GCGTGTCCAT 720  
 45 CCAGGTGGAG TACATGGACC GCGCGAGGG CGGCACCACC AA 762

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 8:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

50

(A) LÄNGE: 1228 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

15

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 8:

```
20  GAAAAGTTTC TGAACATGGG TGCACCCCTG GGAGTGGGCC TGGGTCTCGT CTTTGTGTCC 60
    TCCATTGGGA TCTATGTTTC TTCCACCTAC CCACCCGTGG CTGGGGCCAC TCTTTACTCA 120
    GTGGCAATGT ACGGTGGATT AGTTCTTTTC AGCATGTTCC TTCTGTATGA TACCCAGAAA 180
    GTAATCAAGC GTGCAGAAGT ATCACCAATG TATGGAGTTC AAAAATATGA TCCCATTAAC 240
    TCGATGCTGA GTATCTACAT GGATACATTA AATATATTTA TGCGAGTTGC AACTATGCTG 300
25  GCAACTGGAG GCAACAGAAA GAAATGAAGT GACTCAGCTT CTGGCTTCTC TGCTACATCA 360
    AATATCTTGT TTAATGGGGC AGATATGCAT TAAATAGTTT GTACAAGCAG CTTTCGTTGA 420
    AGTTTAGAAG ATAAGAAACA TGTCATCATA TTTAAATGTT CCGGTAATGT GATGCCTCAG 480
    GTCTGCCTTT TTTTCTGGAG AATAAATGCA GTAATCCTCT CCCAAATAAG CACACACATT 540
    TTCAATTCTC ATGTTTGAGT GATTTTAAAA TGTTTTGGTG AATGTGAAAA CTAAAGTTTG 600
30  TGTCATGAGA ATGTAAGTCT TTTTCTACT TTTAAATTTA GTAGGTTTAC TGAGTAACTA 660
    AAATTTAGCA AACCTGTGTT TGCATATTTT TTTGGAGTGC AGAATATTGT AATTAATGTC 720
    ATAAGTGATT TGGAGCTTTG GTAAAGGGAC CAGAGAGAAG GAGTCACCTG CAGTCTTTTG 780
    TTTTTTTAAA TACTTAGAAC TTAGCACTTG TGTATTGAT TAGTGAGGAG CCAGTAAGAA 840
    ACATCTGGGT ATTTGGAAAC AAGTGGTCAT TGTTACATTC ATCTGCTGAA CTTAACAAAA 900
35  CTGTTCATCC TGAAACAGGC ACAGGTGATG CATTCTCCTG CTGTTGCTTC TCAGTGCTCT 960
    CTTTCCAATA TAGATGTGGT CATGTTTGAC TTGTACAGAA TGTTAATCAT ACAGAGAATC1020
    CTTGATGGAA TTATATATGT GTGTTTTACT TTTGAATGTT ACAAAGGAA ATAACTTTAA1080
    AACTATTCTC AAGAGAAAAT ATTCAAAGCA TGAAATATGT TGCTTTTCC AGAATACAAA1140
    CAGTATACTC ATGAAAAAAA AATGTTTTTT TATTTTGCAT TATTTATTGA ACTGTCTAAT1200
40  TGAATACAGC TTGCTCTTGT CACCTCAA 1228
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 9:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

45

(A) LÄNGE:914 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9:

15	GGCGGTGGTC	CGCCATTTTCG	TGGACGCCGG	GTGAGTGAGA	GAGTTGGTTG	GTGTTGGGCC	60
	GGAGGAAAGC	GGGAAGACTC	ATCGGAGCGT	GTGGATTGTA	GCCGCCGCAT	TTTTTAACCC	120
	TAGATCTCGA	AATGCATCGT	GATTCCTGTC	CATTGGACTG	TAAGGTTTAT	GTAGGCAATC	180
	TTGGAAACAA	TGGCAACAAG	ACGGAATTGG	AACGGGCTTT	TGGCTACTAT	GGACCACTCC	240
	GAAGTGTGTG	GGTTGCTAGA	AACCCACCCG	GCTTTGCTTT	TGTTGAATTT	GAAGATCCCC	300
20	GAGATGCAGC	TGATGCAGTC	CGAGAGCTAG	ATGGAAGAAC	ACTATGTGGC	TGCCGTGTAA	360
	GAGTGGAAC	GTCGAATGGT	GAAAAAAGAA	GTAGAAATCG	TGGCCCACCT	CCCTCTTGGG	420
	GTCGTCGCCC	TCGAGATGAT	TATCGTAGGA	GGAGTCCTCC	ACCTCGTCGC	AGATCTCCAA	480
	GAAGGAGAAG	CTTCTCTCGC	AGCCGGAGCA	GGTCCCTTTC	TAGAGATAGG	AGAAGAGAGA	540
	GATCGCTGTC	TCGGGAGAGA	AATCACAAGC	CGTCCCGATC	CTTCTCTAGG	TCTCGTAGTC	600
25	GATCTAGGTC	AAATGAAAGG	AAATAGAAGA	CAGTTTGCAA	GAGAAGTGGT	GTACAGGAAA	660
	TTACTTCATT	TGACAGGAGT	ATGTACAGAA	AATTCAAGTT	TTGTTTGAGA	CTTCATAAGC	720
	TTGGTGCATT	TTTAAGATGT	TTAGCTGTT	CAAATCTGTT	TGTCTCTTGA	AACAGTGACA	780
	CAAAGGTGTA	ATTCTCTATG	GTTTGAAATG	GATCATACGA	GGCATGTAAT	ACCAAGAATT	840
	GTTACTTTAC	AATGTTCCCT	TAAGCCAAAA	TTGAATTTGC	TTTGAACTTT	TAGTTATGCA	900
30	CAGACTGATA	ATAA					914

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
35 (A) LÄNGE: 1126 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:



## (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 10:

5  
GAGGCAGCCC TGACACTATG CCACCTGCTG AGCTCCTGGG TGTCACTAGA GAGCCTCACA 60  
CTCTCCTACA ATGGCCTGGG CTCTAACATC TTCCGCCTGC TAGACAGCCT GCGGGCCCTG 120  
TCAGGCCAGG CTGGATGTCG CCTCCGTGCC CTGCATCTCA GTGACCTGTT CTCACCACTG 180  
CCCATCCTGG AGCTGACACG TGCTATCGTG CGAGCACTGC CCCTGCTACG GGTCTCTCT 240  
10 ATTCGTGTTG ACCACCCAAG CCAGCGGGAC AACCTGGTG TGCCAGGGAA TGCAGGGCCC 300  
CCTAGCCACA TAATAGGCGA TGAGGAGATA CCAGAAAAC GCCTGGAGCA GTTGAGATG 360  
GGNATTTCCA CGGGGAGCCC AGCCAGCCCC ACTGCTGTGC TCCGTTCTGA AGGCCTCGGG 420  
TTCTCTGCAG CAGCTGTCCC TGGATAGTGC CACCTTTGCC TCTCCCCAGG ATTTTGGGCT 480  
TGTTTTGCAA AACTCAAAG AGTACAACCT AGCCCTGAAA AGACTGAGCT TCCATGACAT 540  
15 GAATCTCGCT GACTGTGAGA GCGAGGTGCT CTTTTTGCTA CAGAATCTGA CTCTGCAAGA 600  
GATTACCTTC TCCTTCTGCC GTCTGTTTGA GAAGCGCCCA GCCCAATTTC TGCCTGAGAT 660  
GGTTGCTGCT ATGAAGGGCA ACTCCACACT GAAGGGCCTC CGGCTGCCAG GGAACCGCCT 720  
GGGGAATGCT GGCCTGCTGG CCTTGGCAGA TGTTTTCTCA GAGGATTCAT CCTCTCTCT 780  
CTGTGAGCTG GACATCAGTT CCAACTGCAT CAAGCCAGAT GGGCTTCTGG AGTCGCCAA 840  
20 GCGGCTGGAG CGCTGGGGCC GTGGAGCCTT TGGTCACCTG CGCTCTTCC AAAACTGGCT 900  
GGACCAGGAT GCAGTCACAG CCAGGGAAGC CATCCGGCGG CTCCGGGCTA CCTGCCATGT 960  
GGTTAGCGAC TCATGGGACT CATCCCAGGC CTTGCGAGAT TATGTTAGCA CCATGTGATG 1020  
GGGCCCCGTAC CTCACAGTCT CATGCTCGGT ACCATCAGCT TGCAGGGGCT GAAGCATGGG 1080  
CTGCCCAGAA CCCCACCAC CAGTTCTATC TTTCTCTTC TGTGAC 1126

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 538 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 12:

50  
TAGACCACTG AGGAGACCAT AGAGCGGATG CTTTCATGCA CCCTTTACTG CACTTTCTGA 60  
CCAGGAGCTA CTTTGAGTTT GGTGTTACTA GGATCAGGGT CAGTCTTTGG CTTATCAATA 120  
AATTTTAATC TCTGTTAATC TTACCTGCTT TAAAAAAAAG TTCTTGTTGTG TTCGTATCTT 180

TATTTATTCC CTAGTTTGCA GAACTGTCTG AATAAAGGAT ACAAGGATTA TTTCAATGTT 240  
 ACTGCACTGA AAAACGTGTA TGTATTAGTG TGCTAGATTA TTAGCAGAA TATTCACAAG 300  
 TTTCTGTTGA CCTTGTTGAT TGAGCATGAC TACTAAATAT TATGTAATAA AAAGCATTTG 360  
 TCATAACAGT CTTATGAAGT AGTTCTTCGA ATATAGAAAG TTCTATAATT TAGCCCATGA 420  
 5 AATGATAGGT TTTTAATTTT CAGAAATGGA GCTGCATGTA GAATGAGATC ACATGCTTTT 480  
 ATATGTGAAA TATTGGTTTT AGCAATTAAC AGAAGGCATA CTTTGCTAAT TTTATGGC 538

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE:321 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13:

CCCTACAAC TGGTGCAAAC TCAGGCTTTC CCCAGTGACC AACAATTTTA ATTCCAAGAG 60  
 GTGAGGATCT CAGGAGGTGG CATTACCCCA CCAGGGAGCT AGGGAAAAGG AACCAAGCTG 120  
 35 TCTCCACACC CAGGAGAGGT GTCCCTCCAG CCAAGGCAGG CAGGACACTC TGCAGCTCTC 180  
 CCTCCTGTGC CCAGGCCCTT GACTACACTC TCATCTGCCA TCTGAGCTAA GCCAGGAAGG 240  
 CAGTTAAAGA AAGGCCCCCA AACATGAAGC AGGGACAAGG AGACGGACAG GGGTCAGATG 300  
 ACCCATTGAT AGGGAAGAGA G 321

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 14:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE:847 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

45

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 14:

	AGACAAATCT	TCTGCATGTC	GGAGGAACGG	GAATTATTCT	GATGAAAAGA	AAGATGCTAT	60
15	GTATTGGGAA	AAAAGGCGGA	AAAATAATGA	AGCTGCCAAA	AGATCTCGTG	AGAAGCGTCG	120
	ACTGAATGAC	CTGGTTTTAG	AGAACAACT	AATTGCACTG	GGAGAAGAAA	ACGCCACTTT	180
	AAAAGCTGAG	CTGCTTTCAC	TAAAATTAAA	GTTTGGTTTA	ATTAGCTCCA	CAGCATATGC	240
	TCAAGAGATT	CAGAACTCA	GTAATTCTAC	AGCTGTGTAC	TTTCAAGATT	ACCAGACTTC	300
	CAAATCCAAT	GTGAGTTCAT	TTGTGGACGA	GCACGAACCC	TCGATGGTGT	CAAGTAGTTG	360
20	TATTTCTGTC	ATTAAACACT	CTCCACAAAG	CTCGCTGTCC	GATGTTTCAG	AAGTGTCCCTC	420
	AGTAGAACAC	ACGCAGGAGA	GCTCTGTGCA	GGGAAGCTGC	AGAAGTCCTG	AAAACAAGTT	480
	CCAGATTATC	AAGCAAGAGC	CGATGGAATT	AGAGAGCTAC	ACAAGGGAGC	CAAGAGATGA	540
	CCGAGGCTCT	TACACAGCGT	CCATCTATCA	AACTATATG	GGGAATTCTT	TCTCTGGGTA	600
	CTCACACTCT	CCCCCACTAC	TGCAAGTCAA	CCGATCCTCC	AGCAACTCCC	CGAGAACGTC	660
25	GGAAACTGAT	GATGGTGTGG	TAGGAAAGTC	ATCTGATGGA	GAAGACGAGC	AACAGGTCCC	720
	CAAGGGCCCC	ATCCATTCTC	CAGTTGAACT	CAAGCATGTG	CATGCAACTG	TGGTTAAAGT	780
	TCCAGAAGTG	AATTCCTCTG	CCTTGCCACA	CAAGCTCCGG	ATCAAAGCCA	AAGCCATGCA	840
	GATCAAA						847

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 573 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

35 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 16:

5 GGAGGCTGCT GGGGGCGGCG CGTCCAGCTC TGGGCCAGGG GGTCCAAAGT GCTCAGCCCC 60  
CGGGGCACAG CAGGACGTTT GGGGGCCTTC TTTCAGCAGG GGACAGCCCG ATTGGGGACA 120  
ATGGCGTCTC TTGGCCACAT CTTGGTTTTC TGTGTGGGTC TCCTCACCAT GGCCAAGGCA 180  
GAAAGTCCAA AGGAACACGA CCCGTTCACT TACGACTACC AGTCCCTGCA GATCGGAGGC 240  
CTCGTCATCG CCGGGATCCT CTCATCCTG GGCATCCTCA TCGTGCTGAG CAGAAGATGC 300  
CGGTGCAAGT TCAACCAGCA GCAGAGGACT GGGGAACCCG ATGAAGAGGA GGGAAC TTTC 360  
10 CGCAGCTCCA TCCGCCGTCT GTCCACCCGC AGGCGGTAGA AACACCTGGA GCGATGGAAT 420  
CCGGCCAGGA CTCCCTGGC ACCTGACATC TCCCACGCTC CACCTGCGCG CCCACGGGCC 480  
CCTCCGCCGC CCCTTCCCCA GCCCTGCCCC CGCAGACTCC CCCTGCCGCC AAGACTTCCA 540  
ATAAAACGTG CGTTCCTCTC GACAAAAAAA AAA 573

## 15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 17:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 486 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
20 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## 30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

35 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 17:

40 GCCGCACGGC TTGCTGGGGC TGGGCTCTTC CTCGCGGAAG TGGGGAGGAG GCGGTTGCGG 60  
T TAGTGGACC GGGACCGGTA GGGGTGCTGT TGCCATCATG GCTGACCCCG ACCCCCGGTA 120  
CCCTCGCTCC TCGATCGAGG ACGACTTCAA CTATGGCAGC AGCGTGGCCT CCGCCACCGT 180  
GCACATCCGA ATGGCCTTTC TGAGAAAAGT CTACAGCATT CTTTCTCTGC AGGTTCTCTT 240  
AACTACAGTG ACTTCAACAG TTTT TTATA CTTTGAGTCT GTACGGACAT TTGTACATGA 300  
45 GAGTCCTGCC TTAATTTTGC TGTTTGCCCT CGGATCTCTG GGT TTGATTT TTGCGTTGAC 360  
TTTAAACAGA CATAAGTATC CCCTTAACCT GTACCTACTT TTTGATT TTA CGCTGTTGGA 420  
AGCTCTGACT GTGGCAGTTG TTGTTACTTC TATGATGTAT ATATTATCTG CAAGCTTTCA 480  
TACTGA 486

## 50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE:662 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18:

CTTTTTTCT	CTACTCCTTC	CCCTTCACAC	CCCCGTGGCT	GGAAGGAACC	TCGGCTTCCC	60
TGAAAGCTTG	GGGGTCCCAC	CCTTCTTACC	CCACCCGGGA	GGAACGCCCA	GGGCCCCGGG	120
25 CTTGTTTCTC	CTCTTGTTTT	CCTTTTGGGC	AGTTTGATCA	CTGATCGAGT	AAGGAATGAC	180
CTTTAGATTG	TGCGACTTTT	GTTTTTGTTT	TTTTAAATTT	TTTTAAACCA	AGAATGATTT	240
CTCCTGCTTC	CTTCTCCTCA	CCATCTTCCC	AGACGGAGTT	CAAAGGCCAC	TTCTCAAGCA	300
GCTTTTGGCA	CCTTCAGCCT	CAGAGTGGAA	TCTTTTAAAG	ACAGGACCCC	TATGTCCAGG	360
AAAGGGGAAA	AGGAACCTTG	CCAATGATAG	TGACCACAGC	AAAAGCAATA	AAATAATAAA	420
30 ATAAAAAACA	ATAGCACAGC	CCTTGTTGAG	GTGAGCAGGG	AGGAGGGGCT	GCCCCGAGTT	480
GGGTCCTTGC	CTGGATTTTG	ACACAGCAAC	TTCTGTAGT	GAGCACTTTG	TATGAATCGT	540
GGACTTCCTG	TTCTCAAGGC	GCAGGTATTT	ATTCTGTATC	TGTCTAGAGC	ACACACCAAA	600
ATCCAACCTT	CTAATAAACA	TGATGGCGCA	GTCCCAAAAA	AGGAAACAGA	AGAAGAAAAG	660
GG						662

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE:750 Basenpaare

40

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19:

```
10 ATAGATTTTG AGGGGAAGGA GAGAGGGAAG GGTGAGGGTA GAGACACCCC TCCCTTGCCC 60
   CTTTCCTGGG CCCAGAAGTT GGGGGGAGGG AGGGAAAGGA TTTTACATT TTTTAAACTG 120
   CTATTTCTG AATGGAACAA GCTGGGCCAA GGGGCCCAGG CCCTGTCCTC TGTCCCTCAC 180
   ACCCCTTTGC TCCGTTTATT CATTCAAAAA AACATTTCTT GAGCACCTTC TGTGCCCAGC 240
   ATATGCTAGG CCCACCAGCT AAGTGTGTGT GGGGGGTCTC TACGCCAGCT CATCAGTGCC 300
15 TCCTTGCCCA TCCTTCACCG GTGCCTTTGG GGGATCTGTA GGAGGTGGGA CCTTCTGTGG 360
   GGTTTGGGGA TCTCCAGGAA GCCCGACCAA GCTGTCCCTT TCCCCTGTGC CAACCCATCT 420
   CCTACAGCCC CCTGCCTGAT CCCCTGCTGG CTGGGGGCAG CTCCCAGGAT ATCCTGCCTT 480
   CCAACTGTTT CTGAAGCCCC TCCTCCTAAC ATGGCGATTC CGGAGGTCAA GGCCTTGGGC 540
   TCTCCCCAGG GTCTAACGGT TAAGGGGACC CACATACCAG TGCCAAGGGG GATGTCAAGT 600
20 GGTGATGTCG TTGTGCTCCC CTCCCCAGA GCGGGTGGGC GGGGGGTGAA TATGGTTGGC 660
   CTGCATCAGG TGGCCTTCCC ATTTAAGTGC CTTCTCTGTG ACTGAGAGCC CTAGTGTGAT 720
   GAGAACTAAA GAGAAAGCCA GACCCCTAAA 750
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

25

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1001 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

30

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21:

```
50 GGGGGAGAGA GGGAGGCCTT TGGGCGGTGG GGGCCACGGG GAGGGTGGTC CTCGGA CTAC 60
   GTGCGGGACA GGAGGTCAGG GCTGGCAAGT CCCTCAGGCC TCCCTCGTTG CCCAGCCTC 120
   GCGGGCCGCC TAACTGCCCC GTTCCAAGGG TGCCACCGGA CCCCCTGGA GAGGAACCTC 180
   TCCGTTGGCT GATTTTCATCA CCACCCATTC CCGATTCCAC GTTTCCTTTA AGCGGGGCTG 240
```

GCGGAGCGCA AGGGGGCAAG GAACTGGATT GCGATTGGTC AGCACGTGCC TCGGTCGGCG 300  
 GTACAAATTGG CTGAGGCGCT GGGCCTTGGG AAGCATTCCC CGACGGGATT GGTCGTCGCT 360  
 CTCGCAGAGC CCGCTCCCG CAGTACAAGC GGCCCCGGG TGGGGGGGGA GGAGGGGACT 420  
 CCGGGAGGAG GAACATGGCG GTGGCGGACC TCGCTCTCAT TCCTGATGTG GACATCGACT 480  
 5 CCGACGGCGT CTTCAAGTAT GTGCTGATCC GAGTCCACTC GGCTCCCCGC TCCGGGGCTC 540  
 CGGCTGCAGA GAGCAAGGAG ATCGTGCGCG GCTACAAGTG GGCTGAGTAC CATGCGGACA 600  
 TCTACGACAA AGTGTCGGGC GACATGCAGA AGCAAGGCTG CGACTGTGAG TGTCTGGGCG 660  
 GCGGGCGCAT CTCCCACCAG AGTCAGGACA AGAAGATTCA CGTGACGGC TATTCCATGG 720  
 CCTATGGTCC TGCCCAGCAC GCCATTTCAA CTGAGAAAAT CAAAGCCAAG TACCCCGACT 780  
 10 ACGAGGTCAC CTGGGCTAAC GACGGCTACT GAGCACTCCC AGCCCGGGGC CTGCTGCCTC 840  
 CAGCAGCCAC TTCAGAGCCC CCGCCTTTGC CTGCACTCCT CTTGCAGGGC TGGCCCTGCC 900  
 TGCTCCTGCG GCAGCCTCTG GTGACGTGCT GTCCACCAGG CCTTGAGAGC AGGCTAGCCT 960  
 GGCCACAGAA TTAAACGTGT TGCCACACCT GCCGGCTTCT G 1001

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 580 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

20 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

35 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 23:

40 CGAAACGTGC GCAGGCGCCG GCCGCTGCGC TGCAGATGGC GGAAATGGAT CCGGTAGCCG 60  
 AGTTCCCCCA GCCTCCCGGT GCTGCGCGCT GGGCTGAGGC CCTTCTGCGA TGTTTTACCT 120  
 GGCTGCGGCT GTGTCAGATT TCTATGTTCC TGTCTCTGAA ATGCCTGAAC ACAAGATCCA 180  
 GTCATCTGGG GGCCCACTGC AGATAACAAT GAAGATGGTG CCAAAACTGC TTTCTCCTTT 240  
 GGTTAAAGAT TGGGCTCCCA AAGCATTTAT AATTTCTTTT AAGTTGGAGA CTGACCCCGC 300  
 45 CATTGTAATT AATCGAGCTC GGAAGGCTTT GGAAATTTAT CAGCATCAAG TGGTGGTGGC 360  
 TAATATCCTT GAGTCACGAC AGTCCTTTGT GTTTATTGTA ACCAAAGACT CGGAAACCAA 420  
 GTTATTGCTA TCAGAGGAAG AAATAGAAAA AGGCGTAGAG ATAGAAGAGA AGATAGTGGA 480  
 TAATCTTCAG TCTCGACACA CAGCTTTTAT AGGTGACAGA AACTGAAGTA AAAAGCCCTT 540  
 ATAGGATCAA AAATTGTTCA GGGCTCTTAG AGATGGTGAA 580

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 740 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

15

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 24:

	GGATGCGTGG	CGGGGAGCGC	CGGGCTCTCC	CGGAAGTCTC	CCTGGACGGA	AGTGGAAACG	60
	GAAACCTTTT	TAGGGAGTCC	AAGGTACAGT	CGCCGCGTGC	GGAGTTGTTA	CTGGTTACTT	120
25	GGCCTCATGG	CGGTCCGAGC	TTCGTTTCGAG	AACAACCTGTG	AGATCGGCTG	CTTTGCCAAG	180
	CTCACCAACA	CCTACTGTCT	GGTAGCGATC	GGAGGCTCAG	AGAACTTCTA	CAGTGTGTTC	240
	GAGGGCGAGC	TCTCCGATAC	CATCCCCGTG	GTGCACGCGT	CTATCGCCGG	CTGCCGCATC	300
	ATCGGGCGCA	TGTGTGTGGG	GAACAGGCAC	GGTCTCCTGG	TACCCAACAA	TACCACCGAC	360
	CAGGAGCTGC	AACACATTTCG	CAACAGCCTC	CCAGACACAG	TGCAGATTAG	GCGGGTGGAG	420
30	GAGCGGCTCT	CAGCCTTGGG	CAATGTCACC	ACCTGCAATG	ACTACGTGGC	CTTGGTCCAC	480
	CCAGACTTGG	ACAGGGAGAC	AGAAGAAATT	CTGGCAGATG	TGCTCAAGGT	GGAAGTCTTC	540
	AGACAGACAG	TGGCCGACCA	GGTGCTAGTA	GGAAGCTACT	GTGTCTTCAG	CAATCAGGGA	600
	GGGCTGGTGC	ATCCCAAGAC	TTCAATTGAA	GACCAGGATG	AGTGTCTCTC	TTTTCAAGTC	660
	CCTTGTTGCG	GGGATGTGAA	CGAAGCATTA	AGTGATTCTT	GGGATGTGTA	TAATGTGTCC	720
35	TTCGTGCCTG	AAACCACCAG					740

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

40

- (A) LÄNGE: 975 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50

(iii) ANTI-SENSE: NEIN



## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## 5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 26:

10 ATGGGCTACA ACCTGAGCCC CCAGTTCACC CAGCTTCTGG TCTCCCGCTA CTGCCCACGC 60  
TCTGCCAATC CTGCCATGCA GCTTGACCGC TTCATCCAGG TGTGCACCCA GCTGCAGGTG 120  
CTGACAGAGG CCTTCCGGGA GAAGGACACA GCTGTACAAG GCAACATCCG GCTCAGCTTC 180  
GAGGACTTCG TCACCATGAC AGCTTCTCGG ATGCTATGAC CCAACCATCT GTGGAGAGTG 240  
15 GAGTGCACCA GGGACCTTTC CTGGCTTCTT AGAGTGAGAG AAGTATGTGG ACATCTCTTC 300  
TTTTCTGTG CCTCTAGAAG AACATTCTCC CTTGCTTGAT GCAACACTGT TCCAAAAGAG 360  
GGTGGAGAGT CCTGCATCAT AGCCACCAAA TAGTGAGGAC CGGGGCTGAG GCCACACAGA 420  
TAGGGGCCTG ATGGAGGAGA GGATAGAAGT TGAATGTCCT GATGGCCATG AGCAGTTGAG 480  
TGGCACAGCC TGGCACCAGG AGCAGGTCCT TGTAATGGAG TTAGTGTCCA GTCAGCTGAG 540  
20 CTCCACCCTG ATGCCAGTGG TGAGTGTTC TCGGCCTGTT ACCGTTAGTA CCTGTGTTCC 600  
CTCACCAGGC CATCCTGTCA AACGAGCCCA TTTTCTCCAA AGTGGAATCT GACCAAGCAT 660  
GAGAGAGATC TGTCTATGGG ACCAGTGGCT TGGATTCTGC CACACCCATA AATCCTTGTC 720  
TGTTAACTTC TAGCTGCCTG GGGCTGGCCC TGCTCAGACA AATCTGCTCC CTGGGCATCT 780  
TTGGCCAGGC TTCTGCCCTC TGCAGCTGGG ACCCCTCACT TGCCTGCCAT GCTCTGCTCG 840  
25 GCTTCAGTCT CCAGGAGACA GTGGTCACCT CTCCCTGCCA ATACTTTTTT TAATTTGCAT 900  
TTTTTTTCAT TTGGGGCCAA AAGTCCAGTG AAATTGTAAG CTTCAATAAA AGGATGAAAC 960  
TCTGGAAAAA AAAAA 975

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

## 30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 854 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 27:

```

GAACACACAC ACAGGTGTTT TGACCAGCTC AGGCTTGCCA CAGTGAGCAA CTCTGTGGCT 60
AGCAAAAGAG AAGTTTATTT GTGCCAGCC ATTGGTCACC TTGGGTGATG CACCAGATAG 120
CAGGCAGATG TTGGTTCATT GGCCTTCGTC CTCTTTCCTC CTAAAATAAT ATTGGCTTTA 180
5 CCATCTTAAC TCAGCTGTGG GTTTTTTGTG GGTCTTGTG TGTTTTTTGG CATGAATTGT 240
CATCTTTGGT GTTTTTTTAA CCCCCAGCCC CTCAAAAAAA TAAGGCCTCC AGGTATCAAG 300
ATCTCATATT AGGATTTTCT GTCCTTAATT TTTTGAGCAA AATCTGGAAG ATGTGAAAGC 360
ATATTTAGAT TTTATATACT ATCTGAAATG TGATTGTGTA AGATTCTTAA ATTTGGGCCT 420
CTTAGAATAA TTTTGAATGA GATCTACCGA CTCACTTGTG AGAATATTTT TCACAGATTA 480
10 TCTTTGGGCC TTTTCATTAG AAAGCTGTTT GTTTGTCCCC CTGTTGGTAC ATTTGGTTAC 540
CTCATTTTGC CGTTTCAGAT TGTGAAAGCT CACAGGGGTG TTTTTTGGAA TCATTGCTG 600
AGTCATTTTC TCAAATCATA TTCCATTGTA TCAGTTAACA TATAGTTTAA AATGTATGTA 660
TTATAAATAT CTGTAACCAA ATCATTGAA GGCTTGATAA ATTTTAAACA AAGTTGTAC 720
ATTTTTTATG AAAGTTACTA GTAATGCTTT ACTAAGTAGT GCAATGAATT TTTATTTTAA 780
15 ATCCCTGTGC CCAATTTTGG AGTTGAGAGG GTTGTGGTA ATAAATGTAT GATGTACACT 840
TAAAAAAA AAAA 854

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 28:

## 20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE:802 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 28:

```

TTTTTTTCAG AGTGCTAGGG CTTTATTACA AATGGAGTTG ACTGCTAGAG AGGCCCTTCT 60
CCAATCTTTC TTCTGTACCT TCTTCCCTCC CAAAGACATC CCTCTAGGGG AGGTCAGTAG 120
45 GCCATTAGGT AGGAGGAAAT CTGGAGAGTG AAAAGGGGCC TTGCTTTTGT CAAAGTCCTC 180
TGAAACAACC ACTGAGTCTG AAGGCTGGCT CCAGTTGAGA ATCTTCTAGT GGAAGAGGTT 240
TAGCTCTCAT CTTCAAGGTC CTTCAATTTCT ACATCCTGGG GGGCTTTTGT CTTCTTTTGC 300
CTTTTGAGCT GTGGTTCACT AGTCCTGGCT GGCTTTGAAG GGGCTTCCAC TTCCATGGCT 360
GTCTTCTCTT TCTGGGCAAG CCGGATCTGC TGGAGGAGTT TTCTGCGCTT CTTCCCTGAC 420
50 AGTGTAATGT TGGCACGTGC ACTGGACGCC CGCTTCTTGA GGTGGTGCCG CGTGATCAGC 480
CCTTGGTCTA TCACAGCCCC GACCACCCGG TGCCCTCAGAC GCCGCTCCCG ATTCAACACC 540
CGCCGGCGTT TGAACAGCTT CTTCTTCAGC TCCGTTCCGG GCGGTTTGAT CTTTCCCCC 600
GGAGCTCCCA TAGTCGCGAT TCCACTCCAG TTCACGGTCC GTACTTCCGC TCAGCGCCGG 660
ATCCGCGGGC TCCGCCCCGG CCTTCCGCGG GCCAATCGCA ACTCGGGGGC GGGTCCCTCGG 720

```

GCTATATAAA GGAGCTCCGC GGTGCGGGAG GCCTTTCGGA GGGTGGTGAG CTAGTAAGTG 780  
TGGTTTTAGC TGTAGTAGCC AG 802

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29:

5

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 807 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

10

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

20

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 29:

30 C C C C G T C C G C G C G T G G T G G C T G C T G C T G T G C A T G T C C C T G C G A T G G G A G T C T T G T G C C C A 60  
G C C T G T C A G T T T C C T C C C C A G G G C A G A G C T C C C T T C C T G C A A G A G T C T G G G A G G C G G T G 120  
C A G G C T G T C C T G G C T G C T C T G G G G A A G C C G A G G G A C A G C C A T A A C A C C C C C G G G A C A G T A 180  
G G T C T G G G C G G C A C C A C T G G G A A C T C T G G A C T T G A G T G T G T T G C C T C T T C C T T G G G T A T 240  
G A A T G T G T G A G T T C A C C C A G A G G C C T G C T C T C T C A C A C A T T G T G T G G T T G G G G T T A A T 300  
G A T G G A G G G A G A C A C C T C C T C A T A G A C G G C A G G T G C C C A C C T T T C A G G G A G T C T C C C A G C 360  
35 A T G G G C G G A T G C C G G G C A T G A G C T G C T G T A A A C T A T T T G T G G C T G T G C T G C T T G A G T G A C 420  
G T C T C T G T C G T G T G G G T G C C A A G T G C T T G T G T A G A A A C T G T G T T C T G A G C C C C T T T T C T 480  
G G A C A C C A A C T G T G T C C T G T G A A T G T A T C G C T A C T G T G A G C T G T T C C C G C C T A G C C A G G G 540  
C C A T G T C T T A G G T G C A G C T G T G C C A C G G G T C A G C T G A G C C A C A G T C C C A G A A C C A A G C T C 600  
T C G G T G T C T C G G G C C A C C A T C G C C C A C C T C G G G C T G A C C C C A C C T C C T C A T G G A C A G T 660  
40 G T G A G C C C C G G G C C G T G C A T C C T G C T C A G T G T G G C G T C A G T G T C G G G G C T G A G C C C C T T G 720  
A G C T G C T T C A G T G A A T G T A C A G T G C C C G G C A C G A G C T G A A C C T C A T G T G T T C C A C T C C C A 780  
A T A A A A G G T T G A C A G G G A A A A A A A A 807

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:

45

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 777 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

50

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30:

CTCTCTGCCA	GCTGATGTGC	CCTGTTGCC	CCCACCCCAT	CCCGCACAGA	ACCATCCCTG	60
CATTCCACAG	GGGACTCGGG	CAAGGGTGCC	GAAGATAGAC	AAGAGGCACA	CAGAGACAGA	120
CCAACCTGGCA	GCCAGGCAGC	CCCAGAGGAG	AGAGACATTC	AGACAGAGGA	AAGTCTCCCT	180
GCCCTCATT	CCTTCCAAGA	TGAGAAAAAC	TTGCCGCCAC	CCCCGACAC	TGATGCCAGG	240
GAGGTGGGAG	GAAGAAGTGG	GAAATTTCCC	TTCCAGTAC	CCCCAAGAAC	GTCTGAGCCT	300
TCAATGTTGA	ATTTTTTCTT	TATTAAAATT	ACTTTTATCT	TATAAAATCA	ACTAATCAAA	360
AATGATATAG	ACGACAGCAC	TGGCTCTGTG	AAGGTGGCAT	CTTTCTGGGC	AGGCAGGCCA	420
TGGGGCATGG	AGGAGGGTGC	AAAGATATGG	GTTGCTGTCT	TCTGGCCTCC	AGCTGCATGG	480
AGGCCGGCCC	AGGGTCTAGG	GTGTGCACTG	GGCAAGGGCA	GGGCGGCAGG	TGTCAGGCCG	540
GCTTGACAA	TGAAACCCTG	ACCTTGCTGC	ATTCCTTTTG	CTTCCACCAC	CACTAGCTTC	600
TTTGAATCT	TGGGGTGGGG	GTCATCTTTG	GGGATTATGG	CTGCCACCCG	GGATTGAGT	660
GTAGGGAGTG	TGGGAGCAGC	CTTGGCAGAT	GGGGCACCCG	TGCCCTGCAG	GTGTTGACAA	720
GATCCGCCAT	CTGTAATGTC	CTTGGCACAA	TAAAACCAA	TGTCAGTTTC	AAAAAAA	777

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 31:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE:501 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

## (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 31:

5 CCGGATTCCG CCCC GCCCGC TGCGATCCGG TTCCGCTCCC CACAACCCGC TCTGTGGCGG 60  
 GGCTTCCGGT CGGGAGGGTC CGCCAGCTCT CGCGTCCTTT GCTGGGTCCA GACACCGGTT 120  
 CCGTTGCAAA CATTTTAAA GGGCTGGTTA TTCTTCCTGA AATGAGTTTG GTGATTAGAA 180  
 ATCTGCAGCG AGTCATCCCC ATCAGGAGAG CGCCACTTCG CAGTAAGATC GAGATTGTAA 240  
 10 GGAGGATTTT AGGAGTGCAG AAATTTGACC TGGGGATCAT CTGTGTTGAC AACAGAATA 300  
 TTCAGCACAT TAATAGAATC TACAGAGATA GAAATGTCCC AACCAGATGT CTTTCTTTT 360  
 CATTTTCATGA GCATCTGAAA GCAGGTGAAT TTCCCAGCC TGATTTTCCA GATGACTACA 420  
 ATTTGGGAGA CATTTTCCTA GGAGTGGAGT ATATCTTCCA TCAGTGTAGA GAAGATGAAG 480  
 ATTACAATGA CGTCCTGACT G 501

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 32:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

20 (A) LÄNGE: 1104 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 32:

40 ATTTTGACCC TAAACTTTTG GAAGGAAAAG TAAAGGAGGA TCCTGACCAG GGGGAATCCA 60  
 TGAAACCTTT AACCTTTGCA AGGTTCTACT TGCCAATTCT GGTTCACAGC GCAAAGAAGG 120  
 CCATATACAT GGATGATGAT GTAATTGTGC AAGGTGATAT TCTTGCCCTT TACAATACAG 180  
 CACTGAAGCC AGGACATGCA GCTGCATTTT CAGAAGATTG TGATTCAGCC TCTACTAAAG 240  
 45 TTGTCATCCG TGGAGCAGGA AACCAGTACA ATTACATTGG CTATCTTGAC TATAAAAAGG 300  
 AAAGAATTCG TAAGCTTTCC ATGAAAGCCA GCACTTGCTC ATTTAATCCT GGAGTTTTTG 360  
 TTGCAAACTT GACGGAATGG AAACGACAGA ATATAACTAA CCAACTGGAA AAATGGATGA 420  
 AACTCAATGT AGAAGAGGGA CTGTATAGCA GAACCCTGGC TGGTAGCATC ACAACACCTC 480  
 CTCTGCTTAT CGTATTTTAT CAACAGCACT CTACCATCGA TCCTATGTGG AATGTCCGCC 540  
 50 ACCTTGGTTC CAGTGCTGGA AAACGATATT CACCTCAGTT TGTAAAGGCT GCCAAGTTAC 600  
 TCATTGGAA TGGACATTTG AAGCCATGGG GAAGGACTGC TTCATATACT GATGTTTGGG 660  
 AAAATGGTA TATTCCAGAC CCAACAGGCA AATTCAACCT AATCCGAAGA TATACCGAGA 720  
 TCTCAAACAT AAAGTGAAAC AGAATTTGAA CTGTAAGCAA GCATTTCTCA GGAAGTCCTG 780

GAAGATAGCA TGC GTGGGAA GTAACAGTTG CTAGGCTTCA ATGCCTATCG GTAGCAAGCC 840  
 ATGGAAAAAG ATGTGTCAGC TAGGTAAAAGA TGACAAACTG CCCTGTCTGG CAGTCAGCTT 900  
 CCCAGACAGA CTATAGACTA TAAATATGTC TCCATCTGCC TTACCAAGTG TTTTCTTACT 960  
 ACAATGCTGA ATGACTGGAA AGAAGAACTG ATATGGCTAG TTCAGCTAGC TGGTACAGAT 1020  
 5 AATTCAAAAC TGCTGTTGGT TTTAATTTTG TAACCTGTGG CCTGATCTGT AAATAAAACT 1080  
 TACATTTTTC AAAAAAAAAA AAAA 1104

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33:

10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 810 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33:

GCCATCCTTT ATCATCCACA GCAATCCCAT CTGGTTGGGA GCACTGCTCT GGGTCTCACA 60  
 CTGCCCCCTCC TCTATCCTAG GGAGCCTGAG GCCCAGGGGT GGAAAGATCC AGTTGCGGGT 120  
 35 GGGGGGTAGT GAACCGTGCA GGATAATGAA AGCAACTTGC TTTGGAAATG ACCTACCGCT 180  
 ACCCGTTGTC TGAGACTGAG ATTATCTCAG ACTGTCTTCT GGCTTCTGCC AAAAACTCC 240  
 CTTAACAGAA AGCACCAGAG GGATGGGGGT AGGGGGGTTG GGGAGAGTGA GGCTTGAGTG 300  
 TGAAGGAAGT CTCATATATG CAGAGCTGAA ATCTCCCTCT TTGTATGTCC ACACTTTTGT 360  
 CTTGTTCTCT AGACTGATTC TTGCTATTCC AAATCCTCTT CCACGTTGAC AGCCCTTCAG 420  
 40 ATATTTCAAC ACTCCTCTCA GCATCCTCCA CTTCCCCCAT CTCTCCAAGC TGAAGTTGGT 480  
 TCACAGGGTG GGATTGTGTA TGTGCATGCA GGAGGTGGGG GTGGACAGTG CCCTGGGCTG 540  
 GAATCCCCCT TAGTTCTAAG TGCCTCCTTG CCCGCAGCTT CGAGAGCTGT GCCAGGAGT 600  
 GAACAACCAG CCCTACCTCT GTGAGAGTGG TCACTGCTGC GGGGAGACTG GCTGCTGCAC 660  
 CTACTACTAT GAGCTCTGGT GGTCTGGCT GCTCTGGACT GTCCTCATCC TCTTTAGCTG 720  
 45 CTGTTGCGCC TTCCGCCACC GACGAGCTAA ACTCAGGCTG CAACAACAGC AGCGGCACGT 780  
 GGAAATCAAC TTGTTGGCCT ATCATGGGGC 810

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 826 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

- (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 35:

TGGAATCAT	GGCAACTACA	CAGGATGTTG	CTTACCAGGA	CGGAGTTTTG	GTATCTTAGT	60
ACTGAAGTTA	GCACTATGTT	TACATGCAAA	AGATTAAGGA	AAAAACCCTT	AAAGTGGACA	120
GGTATCCAAA	GTTCAATTTT	TGTGACTCAT	CAAAGTGACA	AAAGACTTGT	AACAACCTTG	180
CCTGGACTTT	TTTCATTTTA	CAACAGTTCA	TCCATTCACA	ATGATTTTGT	TCTCTGCTCC	240
ATATTTTTTA	ATCCCTTAAG	CATTGATGA	AACACTCTTT	AGTGCTATAT	GCATTTTCTT	300
ACTTTTGTTA	AAAATGTGAC	AATTGTCAAA	AAATGCACTA	AAATGTAAAT	GGAGATTGAA	360
CAAGTTCACT	TTCCAGCTTA	TAGGCAACTT	TATACAGACT	TGAACATTTT	CTCCAGTTGT	420
TTAGTAAAAG	TGAAAGAGAA	AGGGTTTTTC	CTGCCACAGG	ATATAACTTT	TTTTTATATA	480
ACAAGCATAA	CACACCACTG	CTTTTGGTGG	AAAAGTGCAG	AATAGTATGT	ACCTTTTATG	540
AAGAAAAATG	TAATTTACAA	TATTCAGTGA	GAATGTTACT	GCTGATTTTC	TTTTCCAAGG	600
TGTAGAATAT	TCTTTGATTT	ATAGAATTCA	TTTTTGACCC	AGATGATGGT	TCCTTTACAG	660
AACAATAAAA	TGGCTGAACA	TTTTCACAAA	TAGAGTGTA	CGAAGTCTGG	ATTTCTGATA	720
CCTTGTCATT	TGGGGGATTT	TATTTTACTT	TGTTGCTTTA	AAATTCAATG	CAGAGAAGTT	780
GTTGACTGTA	GGGGAATAA	AGTTAATTCA	AATTTTGAAA	AAAAAA		826

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE:578 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36:

10 GTTCTTAAC TTTCCATTTT CCGTATCTGC TTCGGGCTTC CACCTCATTT TTTTCGCTTT 60  
GCCCATTTCTG TTTTCAGCCAG TCGCCAAGAA TCATGAAAGT CGCCAGTGGC AGCACCGCCA 120  
CCGCCGCCGC GGGCCCCAGC TCGCGCTGA AGGCCGGCAA GACAGCGAGC GGTGCGGGCG 180  
AGGTGGTGCG CTGTCTGTCT GAGCAGAGCG TGGCCATCTC GCGCTGCGCC GGGGGCGCCG 240  
GGGCGCGCCT GCCTGCCCTG CTGGACGAGC AGCAGGTAAA CGTGCTGCTC TACGACATGA 300  
15 ACGGCTGTTA CTCACGCCTC AAGGAGCTGG TGCCACCCT GCCCAGAAC CGCAAGGTGA 360  
GCAAGGTGGA GATTCTCCAG CACGTCATCG ACTACATCAG GGACCTTCAG TTGGAGCTGA 420  
ACTCGGAATC CGAAGTTGGA ACCCCGCGG GCGGAGGGCT GCCGTCCGG GCTCCGCTCA 480  
GCACCCTCAA CGGCGAGATC AGCGCCCTGA CGGCCGAGGC GGCATGCGTT CCTGCGGACG 540  
ATCGCATCTT GTGTCGCTGA AGGCCTCCCC CAGGGACC 578

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 799 Basenpaare

25

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

40

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 37:

45

AGCTTTTGTT CACACTTTAA ATAGCAGTCC CAGAATGATT TCACTACAGA CTCTCTGGAA 60  
AGCCTGGGAG CTGAATTCCG GAAGATCCCC ACATCGATGA AAGCAAAGCG AAGCACCAAG 120  
CCATCATCAT GTCCACGTCG CTACGAGTCA GCCCATCCAT CCATGGCTAC CACTTCGACA 180  
CAGCCTCTCG TAAGAAAGCC GTGGGCAACA TCTTTGAAAA CACAGACCAA GAATCACTAG 240  
50 AAAGGCTCTT CAGAAACTCT GGAGACAAGA AAGCAGAGGA GAGAGCCAAG ATCATTTTGT 300  
CCATAGATCA AGATGTGGAG GAGAAAACGC GTGCCCTGAT GGCCTTGAAG AAGAGGACAA 360  
AAGACAAGCT TTTCCAGTTT CTGAAACTGC GGAAATATTC CATCAAAGTT CACTGAAGAG 420



5 AAGAGGATGG ATAAGGACGT TATCCAAGAA TGGACATTCA AAGACCAAGT GAGTTTGTGA 480  
GATTCTAACA GATGCAGCAT TTTGCTGCTA CCTTACAAGC TTCTCTTCTG TCAGGACTCC 540  
AGAGGCTGGA AAGGGACCGG GACTGGAAAG GGACCAGGAC TGAACAGACT GGTTACAAAG 600  
ACTCCAACA ATTTTCATGCC CTGTGCTGTT ACAGAGGAGA ACAAATGCT TTCAGCAAGG 660  
ATTTGAAAAC TCTTCCGTCC CTGCAGGAAA GGATTGACGC TGATAGAAGA GCCTGGACAG 720  
ATGTAATGAG AACTAAAGAA AACGATGGCT GGAGATGACA TTTATCCAGG GTCACTTTGT 780  
CAGGCCCTAG GACTTAAAT 799

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39:

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1743 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

25

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39:

35 AATTTATTTT TTTTTCATGG TCTGTCAGGT TTTATTTATA GAGTCTGGTG AACTTGAAGT 60  
AGAGAAAGCT GCAAAAAGTG GTTTGGAGAG CATGGCAGGG CCATGGAGAA GGGCTAATAG 120  
AAGCAGGTCC CTTGCCAGAG CCCTCAGGGA GCCCTTTTGG TGGATAGCGG ACACCTGAGG 180  
CAGGAGGTGG CAGGGGCCAA GTCCAGGCAG GCAGCAGCAG GGCTGCAACT GAGAGCTGAG 240  
GCTGGAGAGG TAGCGCTCGC CCTAACCTGA TCCTGCAGGT CTCAGGCCCT GGGGTATAT 300  
ACTCGCCCCA TGAAGACAGG GAACTTGTGC TGCTGGTCCC AGAGCACGAA GAGGAAGGGC 360  
40 TGCTGCACTT CAAAGACCAG CAGGGTGCAG GCCACAGAGA TGGCGGAGGC TGCAGCCGCC 420  
TCCACCCAG TCTCTGTCAG TTCCAGCACT GTCTGGTGCT GCATCGCAGA AACCTGAAGA 480  
TCTGGGTCTT CTGTCAGCCC ACACAGGTTA AGGTCATAAG AAAAATCGAA GAATTCCAAT 540  
TTCTCCATGA TTGAGAGCAT ATCCTGGCTG GTCGTCACCT TGATGCGGGG TAGTGTTAGG 600  
AGAGTGGGCT GGAACCTGGA CATCTCCAGT TTCTCCATGA TGGCCTTGAA AACAGAAGGG 660  
45 CTGAGAGCCT GTTCCATGTC TTCAAGACGA TGTTCAGGT TCTGGGGTAC CAGGATCACC 720  
AAACTCAGAT TGTGGGAGAG CTGCAGCTGC CCTACCTTGG CTTTCAAAGT TTGGTCAATG 780  
AAATGGGCCA CAGGGTACTT CTTGCTATTC ATCATGGGCA CTTTTATAAC TGAGTTTTTG 840  
AAGTGAAAGG GTTCCATTCT GGTTTTCTTG GGATCAAATG TTGTCTTCCA CTTGGCACTC 900  
AGGTAGATAG CATTGAGGAG GACAAGGCGG GTATCGGAGG GCAGACTGTC TAGCAGCCGG 960  
50 CTGATCTTGT TGTTGGTGTT CTTGGCCACC CAGGTGTTGA TGAGCTCCAA AGTTGAATAG 1020  
CAAGAAGTAC CCTGTGGCCC ATTTTCATTGA CCAAACCTTTG AAAGCCAAGG TGGGGCAGCT 1080  
GCAGCTCTCC CACAATCTGA GTTTGGTGAT CCTGGTACCC CAGAACCTGA AACATCGTCT 1140  
TGAAGACATG GAACAGGCTC TCAGCCCTTC TGTTTTCAAG GCCATCATGG AGAACTGGA 1200

GATGTCCAAG TTCCAGCCCA CTCTCCTAAC ACTACCCCGC ATCAAAGTGA CGACCAGCCA1260  
 GGATATGCTC TCAATCATGG AGAAATTGGA ATTCTTCGAT TTTTCTTATG ACCTTAACCT1320  
 GTGTGGGCTG ACAGAGGACC CAGATCTTCA GGTTCCTGCG ATGCAGCACC AGACAGTGCT1380  
 GGAAGTACA GAGACTGGGG TGGAGGCGGC TGCAGCCTCC GCCATCTCTG TGGCCCGCAC1440  
 5 CCTGCTGGTC TTTGAAGTGC AGCAGCCCTT CCTCTTCGTG CTCTGGGACC AGCAGCACAA1500  
 GTTCCCTGTC TTCATGGGGC GAGTATATGA CCCAGGGGCC TGAGACCTGC AGGATCAGGT1560  
 TAGGGCGAGC GCTACCTCTC CAGCCTCAGC TCTTCAGTTG CAGCCCTGCT GCTGCCTGCC1620  
 TGGAATTGGC CCCTGCCACC TCCTGCCCTA GGTGTCCGCT ATCCACCAAA AGGGCTCCCT1680  
 GAGGGTCTGG GGCAAGGGAC CGTGCTTCTA ATTAAGCCCT TCTTCCAATG GGCCTTGCAT1740  
 10 GGC 1743

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 15 (A) LÄNGE: 1183 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

30

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 41:

GCCAATCGAA TCGTCCTGGG AGGCTTTTCA CAGGGCGGGG CCCTGTCCCT CTACACGGCC 60  
 CTCACCTGCC CCCACCCTCT GGCTGGCATC GTGGCGTTGA GCTGCTGGCT GCCTCTGCAC 120  
 CGGGCCTTCC CCCAGGCAGC TAATGGCAGT GCCAAGGACC TGGCCATACT CCAGTGCCAT 180  
 40 GGGGAGCTGG ACCCATGGT GCCCGTACGG TTTGGGGCCC TGACGGCTGA GAAGCTCCGG 240  
 TCTGTTGTCA CACCTGCCAG GGTCCAGTTC AAGACATACC CGGGTGTGAT GCACAGCTCC 300  
 TGTCCTCAGG AGATGGCAGC TGTGAAGGAA TTTCTTGAGA AGCTGCTGCC TCCTGTCTAA 360  
 CTAGTCGCTG GCCCCAGTGC AGTACCCAG CTCATGGGGG ACTCAGCAAG CAAGCGTGGC 420  
 ACCATCTTGG ATCTGAGCCG GTCGAGCCCC TGTCCCCACC CTTCTTGACC TGTCTTTTC 480  
 45 CCACAGGCCT CTGGGGGCAG GTGGCAAGGC CTGGCCGGGC CTTCTTCTCT GGCTTAGCC 540  
 ACCTGGCTCT GTCTGCAGCA GGGGCAGGCT GCTTCTTAT CCATTTCCCT GGAGGCGGGC 600  
 CCCCTGGCA GCAGTATTGG AGGGGCTACA GGCAGCTGGA GAAAGGGGCC CAGCCGCTGA 660  
 CCCACTCACT CAGGACCTCA CTCACTAGCC CCGCTTTGGG CCCCTCCTG TGACCTCAGG 720  
 GTTTGGCCCA TGGGGCCCTC CCAGGCCCTT GCCCAACTG ATTCTGCCCA GATAATCGTG 780  
 50 TCTCCTGCCT CCACTCAGCT GCTTCTCAGT CATGAATGTG GCCATGGCCC CGGGGTCCCC 840  
 TTGCTGCTGT GGGCTCCCTG TCCCTGGGCA GGAGTGCTGG TGAGGAGGTG GAGCCTTTTG 900  
 AGGGGGGCCT TCCCTCAGCT GTTTCCCCAC ACTGGGGGGC TGGGCCCTGC CTCCCCGTTA 960  
 CCCTCCTTCC CTGCAGGCCT GGAGCCTGTA GGGCTGGACT GAGGTTGAG TCTCCCCCA1020

GCTGTCTCAC CCCCACTTTG TCCCCACTCT AGAGCAGGGA GGCAGTGGGG GAGGAGTTGT1080  
GTCTCGTCTT CTGTCTCCAT GTGGTTTTTG GGTGTTTTTC TTGTTGTGTC CTGGATTCCG1140  
ATAAAATTAA AGAAATTGCT TCCTCAAAAA AAAAAAAAAA AAA 1183

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 768 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
10 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

25

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 42:

30 GTTTTTTTTT TTACTGCAGA AAATTGGTGG TATTTTCACA TTCATAGTGT TTCTATCCAA 60  
TTTCAGTACC CACATTTAAT GAGGAAAAAA TGTTTTACCA ATGAAGGAGG AATTCCTAAA 120  
TTAGCTGTAA TGTTAGGTTG GAGAAAATTT GGTATTTAGG GTATTTTCAA GGTACCATCA 180  
AATCAGATTT CTGTTTTTTT GTTAAAAAAA ATTTTTTTAA TCAGTATTGT TTTTACAAGT 240  
AATATACTTT GAAACTCTTG AACTAATAGT CTCAAAAACT CTAGAGGACA GTCTGAGAAC 300  
35 ACGTATTTCT ATTGTTCTAA ATAAATACAT GTTTTTGAAT AGTTCAATCA TGAATTATTG 360  
ACTATGTCTT CATCAAAAGT GTTAATCCCT CTCAGGGTCT CTGGTGAAGA CCTTCAAGAG 420  
TTTGGTTTTT TCTCCCAGGA AATTGGAAGG TAGAATTGTA AATTCATAGA ACTTCTTTTA 480  
TAATGGTGTA CCTCAGCAGC TGCCTTTCAA TTTATGCCAA GTCCTTACAG AGTTTATACT 540  
TGAATAGTAA ATATGTCTTC TGAGTTTTAC AGTGTCTTAA ACTCAATGCA CATTTTTTTT 600  
40 TCTTCTTTTT CCACCCCTTC TTGTTTGTAG TTCATTATAC CTGTCCTATT ACAGAACTGA 660  
TTTCCTTCCT GGCTGTACAT GTTGGGGTGC TGGATTTTTT TCCGTGTCTT TAGTCTTCGG 720  
ATACATGTTT TCTTCTTTAG CTTGTGGTGA ATACAGTAAT TTGCATTG 768

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

45

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1029 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 43:

```
CCCTGCTGTG AAGTCCTGGC AGGTGTTGGT AATGTGTGGA AATGCAGTCA GCAAGTTTGC 60
TGGGGAGTTT GATAAAAGTA TAAAACAAAA CAAAAAAGC CTCGGTATAA TTTTGTTCCTA 120
CGACTTCTTC TGTAAGCTTTA CACCAGAAGG AAGGAATGGG CTACAGCAGG TAGTGGAGGA 180
AGAGGGGGGT GAGCAGGTGT ATTAAAATAG CTTACGGGTA AGGCCTAAAA GGTACCCCT 240
CGGCCCCCTC TCCAAAAGAA GGGCATGGGC ACCCCCAGGA GAGGATGGCC CCAAAAACCT 300
TATTTTATA CATGAGAGTA AATAAACATA TTTTTTTTAC AAAAATAACT TCTGAATTTA 360
TCAGTGTTTT GCCGTTAAAA ATATTCCTCT ATAGTAAATT ATTTATTGGA AGATGACTTT 420
TTTAAAGCTG CCGTTTGCCT TGGCTTGGTT TCATACACTG ATTTATTTT CTATGCCAGG 480
CAGTAGAGTC TCTCTGCCTC TGAGGAGCAG GCTACCCGCA TCCCCTCAG CCCCTCCCTA 540
CCCCTCAAGA TTTGATGAAA ATTCCAACCA TGAGGATGGG TGCATCGGGG AAGGGTGAGA 600
AGGAGAGCCT GCCTGCTCAG GGATCCAGGC TCGTAGAGTC ACTCCCTGCC CGTCTCCAG 660
AGATGCTTCA CCAGCACCTG CCTCTGAGAC CTCGCTCTCT GTTCCAGCAA CCCTGGTTGG 720
GGGGTCAGAC TTGATACACT TTCAGTTGG GAGTGGACCC ACCCCAGGGC CTGCTGAGGA 780
CAGAGCAGCC AGGCCGTCCT GGCTCACTTT GCAGTTGGCA CTGGGTTGGG GAGGAAGAGA 840
GCTGATGAGT GTGGCTTCCC TGAGCTGGGG TTTCCCTGCT TGTCCAGTTG TGAGCTGTCC 900
TCGGTGTTAC CGAGGCTGTG CCTAGAGAGT GGAGATTTT GATGAAAGGT GTGCTCGCTC 960
TCTGCGTTCT ATCTTCTCTC TCCTCCTTGT TCCTGCAAAC CACAAGATAA AGGTAGTGGT 1020
GTGTCTCGA 1029
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 736 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 44:

```
10 ATTCCTGGGT TGAAATATTT TGTAGGGATT GCTTATTATA TTATTTTAGC TGATGAACCT 60
   CAGGACAACG GCTACAGACA CACACATACA TACACGCACA CAAAATCTCA GCTGTTGAAG 120
   AGTGGGCTTG GAATCAGACT TCTGTGTCCA GTAAAAAAGT CCTGCACTGA AGTCATTGTG 180
   ACTTGAGTAG TTACAGACTG ATTCCAGTGA ACTTGATCTA ATTTCTTTTG ATCTAATGAA 240
   TGTGTCTGCT TACCTTGTTT CCTTTTAATT GATAAGCTCC AAGTAGTTGC TAATTTTTTTG 300
15 ACAACTTTAA ATGAGTTTCA TTCATTCTT TTAAGTATG TTTAAGTAT AGTACCAATA 360
   ATTTTCATTAA CCTGTTCTCA AGTGGTTTAG CTACCATCTT GCCATTTTA ATTTTATTT 420
   AATTTTATTT GCTTGAGCAC ACTGATCAAC CACTGAAGT CCTTCTTCCA TTGTCTGCA 480
   ATGATATAAG GGTTACATTT TTGTGTATAT GGCTTTCATA GTTGGGATTT CAGAGCACTG 540
   ATACCAGATA TTTTCAGTTT GTTCTCTGGG GGAATTTTCAT TTGCATCTAT GTTTTATAGCT 600
20 ATCTGTGATA ACTTGTTAAA TATTAAAAAG ATATTTTGCT TCTATTGGAA CATTTGTATA 660
   CTCGCAACTA TATTTCTGTA AACAGCTGCA GTCAAAAATA AAACACTGAA AGTTTTCATT 720
   TTGCAGTGGA AAAAAA 736
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

25

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1159 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

30

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 46:

```
50 GGACCGTGTG TCGGCCGTGG CGCTGCCCAA GCTGCCCATC TCGCTCACCA ACACCGACCT 60
   CAAGGTGGCC AGCGACACAC AGTTCTACCC TGGCCTCGGG CTGGCCCTGG CCTTCCACGA 120
   CGGCAGCGTC CACATCGTGC ACCGGCTCTC ACTGCAGACC ATGGCCGTCT TCTACAGCTC 180
   CGCGGCCCCG AGGCCTGTGG ATGAGCCGGC CATGAAGCGC CCCCACCG CGGGCCCCGC 240
```

```

CGTCCACTTA AAGGCTATGC AGCTATCGTG GACGTCACCTG GCCCTGGTGG GGATTGACAG 300
CCACGGGAAG CTGAGCGTGC TCCGCCCTCTC ACCTTCCATG GGCCACCCGC TGGAGGTGGG 360
GCTGGCGCTG CGGCACCTGC TCTTCTTGCT GGAGTACTGC ATGGTGACCG GCTACGACTG 420
GTGGGACATC CTGCTGCACG TGCAGCCCAG TATGGTACAG AGCCTGGTGG AGAAGCTGCA 480
5  CGAGGAGTAC ACGCGCCAGA CCGCTGCCCT GCAGCAGGTC CTCTCCACCC GGATCCTGGC 540
CATGAAGGCC TCGCTCTGCA AGCTGTCTGCC CTGCACGGTG ACCCGCGTGT GCGACTACCA 600
CACCAAGCTC TTCCTCATCG CCATCAGCTC CACCCTGAAG TCGCTGCTGC GCCCCACTT 660
TCTCAACACG CCTGACAAGA GCCCCGGCGA CCGGCTGACC GAGATCTGCA CCAAGATCAC 720
CGACGTCGAC ATTGACAAGG TCATGATCAA CCTCAAGACG GAGGAATTTG TGCTGGACAT 780
10 GAACACACTG CAGGGCGCTG CAGCAGCTCT TGCAGTGGGT GGGCGACTTC GTGCTGTACC 840
TGCTGGCCAG CCTACCCAAC CAGGGTTCCC TGCTGAGGCC GGGCCACAGC TTTCTGCGGG 900
ACGGCACCTC GCTGGGCATG CTTCGGGAAT TGATGGTGGT CATCCGCATC TGGGGCCTTC 960
TGAAGCCCAG CTGCCTGCCC GTGTATACGG CCACCTCGGA TACCCAGGAC AGCATGTCCC1020
TGCTCTTCCG CCTGCTCACC AAGCTCTGGA TCTGCTGTCG CGATGAGGGC CCAGCGAGCG1080
15 AGCCGGACGA GGCCTGGTG GATGAATGCT GCCTGCTGCC CAGCCAGCTG CTTATCCCCA1140
GCCTGGACTG GCTGCCAGC 1159

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47:

## 20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 690 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 47:

```

AGAGCGGCCG CCCCTCTTTT TTTCTCTTTC TTTTTTTTTT TTTTGCATA TCAGAAATGC 60
ATTTTAATTT TTATTTGAAA ACAACTTAAA TTTTATAGACA AATGATTTTA GTATATAAAT 120
45 TTGCTTTTGT TTTTATACAG AATATAAAGA TTTCCCTCAT TAATCTTCCA TGTGAAGGGT 180
ATTACAAGCC TGGAGGAAGA TACTTTCTGC ACACAAGTAT GTATCTTATG TGTGCAGTAT 240
TGGAAACCAA TGGTGTAGTG CTCCTACACA TAAATGGGGT CAAGTGACAT CACAAATTAA 300
AAGGGGGAAA GAGAAATATT CTAGTTAATC AGATGCAAGA AGCAAACAAG ACGCAAAAAC 360
TGTGCAAATA AGACCAAGCC AGTAACTTTA GTTACGACAC TGCAGATTAC ACTGGAATAA 420
50 CAGGTTTGTG AGGCTATAGT GTGCACCACA TTTAAACAGC AAGAAAGAGC TATTTATATA 480
GAAAGGCTGG AATGAGGGAT TTTTACTAAA GCAAATTAAC TTCTTGTCAA CTGCCAAAAC 540
AAAACAAAAC TGAGCATATG AGTGTTAGTA TACTGAAGGC ATGTTATACC AGTTTCTGTG 600
CAGCATGCTA AAAGTTAGAA CTTCTTCACT GGTGCTTATC AATCATTAAT AGTCACGTTT 660

```

TTGCCCCCTTC TTGCCAAATT TCGAGGCATG

690

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

## 5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1186 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 51:

ACCATAGATT	TATTTTAAAA	GGGAAAATCT	CACACATAAT	TAAGCAGTGG	AAAATGTGCT	60
CAATGCTATG	GTGCGTCAGG	CCCTCTGTCT	ACCAGGTTTC	TCCCGCTTTC	TGCAGAGCTG	120
30 TGGACCCTGT	ACGTACCAAA	CAGGTGAAC	TGGTCCATCT	TTCTTCTTTC	CTTTTTTTGC	180
ACATTTGCGT	TTATATCTTC	CTGTACTAAA	AGAAACAAAT	TATTTATAAT	TGGGGTGACA	240
ATATAAAGGA	ACAAAAGATG	GGGCAATAGT	TGCTTCCTAG	CTGGAGCTGT	AAGTCCATGT	300
TACAGAAACT	CACATTTTAA	AAAGTTTTAA	AAGATTTATG	AACCTTGTCC	TACAATTCGC	360
TGAATACTTA	TTTGTCTTTT	AACTCCCCCT	CGGTGTATGG	ATCATCTTCG	TCAGAATGCC	420
35 GTTGTTTTAT	TGTGAATCAG	GGGAAAATGT	TAATCATTTG	GAGACTGTTT	TCTTATTACC	480
AAATGTACAA	TCCATAAGAC	AACTGAAAGC	AACAACCTGCT	GGGTTCACCTG	ACAAAAGATTA	540
TAAAAATCAT	CACGTTCAAA	GTAAGATTTT	TAGCCAAGGT	CAAGAACTAA	CCTGGGGCTG	600
AGTCAGCGTC	TCTACCCACT	TAAATAACAG	CGTAAAGATC	TTTCACTAAA	TTCGTTATGT	660
GGTCTGTCTG	GATGTAAACC	TATATATTTT	CTTTTGAAAC	AGAATCATAT	CCTGCAGACT	720
40 CTTGGCACTC	CTGCATAGCT	TTGACCGAAT	GTTCACTCTC	ATCGTAATGG	AAGATTTCTA	780
TCTATGCAGA	TAATACATGT	TTTTAAATAC	TGTTTTCTGT	TTAGTCCTCA	ATCTTCCTAA	840
CTCAAATTGG	GGACTGAGGA	GAGAGAAAGG	TGGTTACCCC	TGTTACCGTG	CCATATTCTT	900
CTTGCTGCTT	TTCAACCCCA	CGTGATTGTT	GATTGACGGT	TCTGCTATAA	TGTGCGTGCC	960
CTTCAAGTTT	CAGAAAACCT	TCCCAATCAT	TGACTTCAA	TCTTAATTGA	ACCCAAGAGT	1020
45 CAAAGTTATT	ATTTTCTCCG	AACGTGTTTG	TGATCTTCTG	TTATATTTTG	GGGCATGTTA	1080
CCTTTATGGT	ATATAAGCTG	TAGTGCATAC	TCTTTGTATT	GCAAAAAACT	GGTCAGTAAT	1140
TTATGTACAT	GTATTCCACA	TTTGTAGTGT	CTTGAAGTGA	CAATCC		1186

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 52:

50

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1029 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 52:

```
GGGAGAAGGA GGAGGCCGGG GGAAGGAGGA GACAGGAGGA GGAGGGACCA CGGGGTGGAG 60
GGGAGATAGA CCCAGCCCAG AGCTCTGAGT GGTTTCCTGT TGCTGTCTC TAAACCCCTC 120
CACATTCCCG CGGTCCTTCA GACTGCCCAG AGAGCGCGCT CTGCCTGCCG CCTGCCTGCC 180
25 TGCCACTGAG GGTTCCCAGC ACCATGAGGG CCTGGATCTT CTTTCTCCTT TGCCTGGCCG 240
GGAGGGCCTT GGCAGCCCCT CAGCAAGAAG CCCTGCCTGA TGAGACAGAG GTGGTGGAAG 300
AAACTGTGGC AGAGGTGACT GAGGTATCTG TGGGAGCTAA TCCTGTCCAG GTGGAAGTAG 360
GAGAATTTGA TGATGGTGCA GAGGAAACCG AAGAGGAGGT GGTGGCGGAA AATCCCTGCC 420
AGAACCACCA CTGCAAACAC GGCAAGGTGT GCGAGCTGGA TGAGAACAAC ACCCCCATGT 480
30 GCGTGTGCCA GGACCCACC AGCTGCCAG CCCCATTGG CGAGTTGAG AAGGTGTGCA 540
GCAATGACAA CAAGACCTTC GACTCTTCCT GCCACTTCTT TGCCACAAAG TGCACCCCTGG 600
AGGGCACCAA GAAGGGCCAC AAGCTCCACC TGGACTACAT CGGGCCTTGC AAATACATCC 660
CCCCTTGCTT GGAATCTGAG CTGACCGAAT TCCCCCTGCG CATGCGGGAC TGGCTCAAGA 720
ACGTCCTGGT CACCCTGTAT GAGAGGGATG AGGACAACAA CCTTCTGACT GAGNAAGCAG 780
35 AAGCTGCGGG TGAAGAAGAT CCATGAGAAT GAGAAGCGCC TGGAGGCAGG AGACCACCCC 840
GTGGAGCTGC TGGCCCGGGA CTTGAGAAG AACTATAACA TGTACATCTT CCCTGTACAC 900
TGGCAGTTTC GGCAGCTGGA CCAGACCCC ATTGACGGGT ACCTCTCCA CACCGAGCTG 960
GCTCCACTGC GTGCTCCCCT CATCCCCATG GAGCATTGCA CCACCCGGTT TTTGAGACCC1020
GTGACCTGG 1029
```

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 985 Basenpaare  
45 (B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN



(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 53:

	ATCACTCTTT	CTCAGCTCGA	CTGGAGTTTC	TGCACCTTTG	CAGGGGCAAA	GTAAGTCCCT	60
15	GCACCCTGAA	CCACCCCCCA	TTCTGTTC	TTTCAGCAGA	TAATGATGGA	GGGGGGGGGG	120
	TGTCCATCGT	GCTGAGGGTG	TGACCGCAAG	AGGGTGAAAA	CTTCCAGCCA	ACTTTCTCAG	180
	TCCTTTCTCT	TGCGAGAGGG	AAGCCACCTG	CTATACAAAC	TAATACCCCC	TGCCTTGACC	240
	CCTTCCCCAC	GACTCAGTTG	ACAGAAGGAT	ATACTTTGTT	ATAACTTATT	ATTTTGTTC	300
	CTGTAAATAC	AAGATGTTTA	TAGGAAATAT	GTATTCTGAA	CTCTATCTGC	AGAATGAGTC	360
20	ACTACACCAA	AATAGTTCTA	TTATTTAGAA	TGTGTTAATT	TTAAAGGGAC	CTGATAGGTA	420
	TTTATTTACA	TATGCGATCC	ACATTTGTGT	GAAAGCATGT	GATCATACTA	ACCCAGCCTC	480
	CTGGAATGTC	GCTGTACGAT	GATTGATGTC	TTTTTCTCAG	TCCATAGTTA	CAATTGTTTA	540
	GTATGCTAAT	CAGTCCAGTT	CCCTGAGGTT	TAAGATCAAA	TATAAATTAC	TCTGCTTTTC	600
	GACTCATTCA	GGTAGCATTG	TACCTGAACC	TGATTGCTAC	TTTTTCATCT	TAAATATTAT	660
25	ATTTCCCTCAT	CTAATCTGCC	TTCCCCTCAT	CCACAGACAT	TTGGAGAAGG	AAATGGGAGG	720
	GTGTCTGTTA	TCCCTTTCTC	TTTGCTTTGT	CCCCGTTGTT	AGACTGGCAG	CGTCAGTTGC	780
	TCGGTGGGCT	TGGTTAGAGC	CGTGGGTGAG	GCAGGTGGCT	GGCGGGGACA	GGGAGAGGCT	840
	GAGAGGGAAG	TGGTGGCATT	TACTGCTCTG	ACACTTCCAC	TGTCCCTGCT	GGGGATGCTG	900
	GGGCCAAGGC	CTGTGGGGCC	TGTGAACTGC	ACAGCCAGGA	GCAAGGAACC	CACTAAATAC	960
30	TCCGTCCTG	CATGTCCCT	CTACA				985

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 54:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

35 (A) LÄNGE: 622 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

## (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 54:

5  
ATGTTTTTCA TTTTTTTCAT GTTATCTATC CAAGCACTGT TCCATGGTCA GCAAGTCATA 60  
TTTCATAATG TGGATTTTCC AAAATAATTA TTGAATACAG CTATTCTATG GCTACTTTTA 120  
GTGTTTTTGT GGTATGTGGT GTGGGAGTGT TTATGGAATT ACCAGTATCT TAAATTTTCA 180  
AAGGAACCTT GGAAGTCTAT CACTCTAAAT GAAAGTCTGT CACTCTACAT GAATTATGTG 240  
10 CTCAAATTTG ACCAACTCAG TTTAAGACAC AAAACAGTAA TTTGAAGAAG GAAAAATGAA 300  
GAGAGTTTCT AGTTTAATGG GTTAAATTTT TGTGTGTGCA ATAGTAAGTT TAGTCTTCTT 360  
ATAATATTTT TAAATGAAAA ATCATAGGTA TTTGTTACCA TGTGTGAAGA TTACTTTGTT 420  
AAAAGCAAAA GTGGTCGTGT GATATGCTAA ATGTTAATTA CTGATTTTAT ATGTTTAAAT 480  
CACGCCAAAC AAATTATGTC TGTGCCATCC AGGGTCTGTT GTTAATCTTT TTCTGAGTAC 540  
15 TTGGATTGGG ATAAAGGGCT TGTACTATGC ACTTTTATT AATGAATAAA TAGAAAACGT 600  
TAGTAACAAA AAAAAAAAAA AN 622

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55:

## 20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1129 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 55:

GATTTTTATC TAGAACTAT ATTTACTTAA ACCCCCCTCA GGAAAGAGGT TTTAAATCA 60  
AAGATGGGAA AATCGGAGAA AATTGCCCTT CCCCATGGCC AGCTTGTTCA TGGTATACAC 120  
45 TTGTATGAGC AACCAAAGAT AACAGACAG AAAAGCAAAT ATAAGTGCC ACTAACCAAG 180  
ATCACCTCTG CAAAAAGAAA TGAAAACAAC TTTTGGCAGG ATTCTGTTTC ATCTGACAGA 240  
ATTCAGAAGC AGGAAAAAAA GCCTTTTAAA AATACCGAGA ACATTAAAAA TTCGCATTTG 300  
AAGAAATCAG CATTTCTAAC TGAAGTGAGC CAAAAGGAAA ATTATGCTGG GGCAAAGTTT 360  
AGTGATCCAC CTTCTCCTAG TGTCTTCCA AAGCCTCCTA GTCCTGGAT GGGAGCACT 420  
50 GTTGAATTTT CCAACCAAAA CAGGGAGCTG ATGGCAGTAC ACTTAAAAAC GTCCTCAAA 480  
GTTCAAACTT AGATTTCAGA TTTCAGTATG TGTGTAAAAC ATAATTTTTC CCATATCCCT 540  
GGACTCTTGA GAAAATTGGT ACAGAAATGG AAATTTGCC TGTGCAACA TACAATTGCA 600  
AAAGATGAGT TTAAAAAATT ACATACAAAC AGCTTGTTAT ATATTTTATA TTTTGTAAAT 660

ACTGTATACC ATGTATTATG TGTATATTGT TCATACTTGA GAGGTATATT ATAGTTTTGT 720  
TATGAAAGTA TGTATTTTGC CCTGCCCACA TTGCAGGTGT TTTGTATATA TACAATGGAT 780  
AAATTTTAAG TGTGTGCTAA GGCACATGGA AGACCGATTT TATTTCACACA AGGTACTGAG 840  
ATTTTTTTCA AGAAACAGCT GTCAAAATCTC AAGGTGAAGA TCTAAATGTG AACAGTTTAC 900  
5 TAATGCACTA CTGAAGTTTA AATCTGTGGC ACAATCAATG TAAGCATGGG GTTTGTTTCT 960  
CTAAATTGAT TTGTAATCTG AAATTACTGA ACAACTCCTA TTCCCATTTT TGCTAAACTC1020  
AATTTCTGGT TTTGGTATAT ATCCATTCCA GCTTAATGCC TCTAATTTTA ATGCCAACAA1080  
AATTGGTTGT AATCAAATTT TAAAATAATA ATAATTGGGG CCCCCCCTT 1129

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE:877 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

15 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

30

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 58:

35 CACACTGAGG GTTTTTTAACA CCATTCTCCC CCACTTCTCT CCTGGGTGAC ATAAGAGAGA 60  
AATAACCTGT AGTACAGCAG CTAAAGTATT CTCCTTTCAG AGAATTTTTT TGGAGGTCTC 120  
TAATATATAT TTCCCCCTTG TCTCTGTGAT CTCTTATTTA TACTATATTA TTGTCCCATG 180  
TACTTTCTAA ACTGAGCTTG GAACATTTAG TATTCCTGCA ATTGGACTTC CCACTTAACA 240  
ATTATACAGA CTTTGCTTTT AGAAATAGAT TAGGTTCCAA ACAGAAAGTT CAAGTGTAAC 300  
40 AACAACAATA AAAATAGATT ATGAAACAGG CTATAATTGG CTCTTTTGGA TTTGATAGGG 360  
GCAAGATGAA AGGCAACTTT CTTGCTTTTG AAATCATGTT GGGTAAGAGG TAAGGAATCC 420  
AGCTACAATT TTATTAGTGC TTGAAACGGG CTTCTTGAA TTCTCCAGGC CCTATCATTT 480  
TTTTTTTTCT TACTAATCAG AAGAGAGCTG GGGTAGAAGC CCCATGTTG TATTCCATGA 540  
AACACGTCGG GTTGGAGTAA AGGCAAAAAC AGCTAGACAC ACCAGGTGTG TCTGTTTGAC 600  
45 ATTTATAAGC TGGCACTCAT CAACACTCCT GTTTCTCCTT TCTCTGGGAC GTGTGGATTA 660  
AGGGGTGTGA GTTGTGGGAA GAATTGCCCT CGTACCTCCT GGATTTATTA TTTTCTCAA 720  
ATACCAACCA GTAAGATCCC AAATAACTTG AGAAAAATTG TTTCTGATC TGTCCACTTC 780  
TGGTGTCAA GATTTTACTC ATCTTCTTAG TACATTCTAT GTATTTTATA TGTATAATTT 840  
TATACAATTA AAAATAGATT TTTGTCTAGT GAAAAAA 877

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE:1329 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

15

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 59:

	GTCGGGGAGC	GCGGGGCCGG	GGCCCAGGGG	ACCCCGGGCC	ACGGAGAGCG	GGAAGAGGAT	60
	GGATTGCCCG	GCCCTCCCCC	CCGGATGGAA	GAAGGAGGAA	GTGATCCGAA	AATCTGGGCT	120
25	AAGTGCTGGC	AAGAGCGATG	TCTACTACTT	CAGTCCAAGT	GGTAAGAAGT	TCAGAAGCAA	180
	GCCTCAGTTG	GCAAGGTACC	TGGGAAATAC	TGTTGATCTC	AGCAGTTTTG	ACTTCAGAAC	240
	TGAAAAGATG	ATGCCTAGTA	AATTACAGAA	GAACAAACAG	AGACTGCGAA	ACGATCCTCT	300
	CAATCAAAAT	AAGGGTAAAC	CAGACTTGAA	TACAACATTG	CCAATTAGAC	AAACAGCATC	360
	AATTTTCAAA	CAACCGGTAA	CCAAAGTCAC	AAATCATCCT	AGTAATAAAG	TGAAATCAGA	420
30	CCCACAACGA	ATGAATGAAC	AGCCACGTCA	GCTTTTCTGG	GAGAAGAGGC	TACAAGGACT	480
	TAGTGCATCA	GATGTAACAG	AACAAATTAT	AAAAACCATG	GAACACCCA	AAGGTCTTCA	540
	AGGAGTTGGT	CCAGGTAGCA	ATGATGAGAC	CCTTTTATCT	GCTGTTGCCA	GTGCTTTGCA	600
	CACAAGCTCT	GCGCCAAATCA	CAGGGCAAGT	CTCCGCTGCT	GTGGAAAAGA	ACCCTGCTGT	660
	TTGGCTTAAC	ACATCTCAAC	CCCTCTGCAA	AGCTTTTATT	GTCACAGATG	AAGACATCAG	720
35	GAAACAGGAA	GAGCGAGTAC	AGCAAGTACG	CAAGAAATTG	GAAGAAGCAC	TGATGGCAGA	780
	CATCTTGTCG	CGAGTGCTG	ATACAGAAGA	GATGGATATT	GAAATGGACA	GTGGAGATGA	840
	AGCCTAAGAA	TATGATCAGG	TAACTTTCGA	CCGACTTTCC	CCAAGAGAAA	ATTCCTAGAA	900
	ATTGAACAAA	AATGTTTCCA	CTGGCTTTTG	CCTGTAAGAA	AAAAAATGTA	CCCGAGCACA	960
	TAGAGCTTTT	TAATAGCACT	AACCAATGCC	TTTTTAGATG	TATTTTGTAT	GTATATATCT	1020
40	ATTATTCAAA	AAATCATGTT	TATTTTGAGT	CCTAGGACTT	AAAATTAGTC	TTTTGTAAATA	1080
	TCAAGCAGGA	CCCTAAGATG	AAGCTGAGCT	TTTGATGCCA	GGTGCAATCT	ACTGGAAATG	1140
	TAGCACTTAC	GTAAAACATT	TGTTTCCCCC	ACAGTTTAA	TAAGAACAGA	TCAGGAATTC	1200
	TAAATAAATT	TCCCAGTTAA	AGATTATTGT	GACTTCACTG	TATATAAACA	TATTTTTATA	1260
	CTTTATTGAA	AGGGGACACC	TGTACATTCT	TCCATCATCA	CTGTAAAGAC	AAATAAATGA	1320
45	TTATATTCA						1329

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 60:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

50

- (A) LÄNGE:697 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 60:

20	GTAGGCGCTA	GTCTGGGCGC	AGAGGTTTCT	GGGAGCCAAG	AGTGGTAATG	GCGTCTGTAT	60
	GATCTTCGGA	GCCTGCTGCA	TCGGACCTCG	GCCAGTCATA	AAAGATGACA	ACAGCAGCCA	120
	GGCCAACCTT	TGAACCTGCC	AGAGGTGGAA	GGGGAAAAGG	AGAAGGTGAT	TTGAGCCAAC	180
	TTTCAAAGCA	GTATTCAAGC	AGAGACCTAC	CCTCTCATA	AAAGATAAAA	TACAGACAGA	240
	CTACTCAGGA	TGCCCCTGAA	GAGGTTTCGT	ACCGTGACTT	CAGGAGAGAG	TTGGAAGAAA	300
	GAGAGAGAGC	TGCTGCAAGA	GAGAAAAATA	GGGATCGTCC	AACCCGAGAA	CATACAACCT	360
25	CCTCTTCAGT	GTCAAAAAAG	CCACGGTTAG	ACCAGATTCC	TGCCGCCAAC	CTTGATGCAG	420
	ATGACCTCT	AACAGATGAG	GAAGATGAAG	ATTTTGAAGA	AGAAAGTGAT	GATGATGATA	480
	CTGCAGCTCT	TCTTGCAAG	CTGGAAAAAA	TTAAAAAAGA	AAGAGCTGAA	AAGGGCCAAG	540
	GCCCAGGGAA	GGGACCAAGG	GCCAAAAAAG	CTTTAAGGGG	GGGAAGGGTT	TCGTTTTGGG	600
	AAAACATTGG	TTGGGCGGGA	AACCCTTTCC	CTTTAATCTT	GAGCTTGGCC	CATTCCAAGC	660
30	TTAAGCCGA	CTTTGAAAAG	TTTGAAAGGA	GGGTGGG			697

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 61:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

35 (A) LÄNGE: 1389 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

## (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 61:

5  
CGAAGAATAG AATTGGCCAG GACCTAGGTT CTCATATTCT TGGTATTCCT CCTGGATGGA 60  
AAGGCTGTTG GCATCAATAG GGGACAGAGG CTGATGCTGG AGTGGCCAGT AGAGGTGGTG 120  
GAGCAGAGCA GCCATCTTTT AAGTGGGGCT GTATCAGGCT GGGTTTATTT AAAAGCAACA 180  
AAATGTTTTG GTTAAGAAAA TTATTTTGCT TTCAGTGTA ATCTTCGCAG TGTTCTAAAC 240  
10 AAAGTTCAGT CTTCTGCTCG CCCCTTTCCC TCACTGATGT CTGCACTTGG TTGAGGTCTC 300  
CTGGAGCCTC ACAGGCTCTG CTGTTCTCCA CTTCTCACCT GCCATCCACG CCCTGCAAGC 360  
TCATGCAAA ACCCTTTCTT CCTCCTGCGG CAGAGTTGTT CAGGTTGCCT GGGCAGGGGC 420  
TTAAACAGTG CCAGCCCCTG CCATCCAAA GCTATTGTTA AGCCCCCAG GCGTCCTCCA 480  
CCCACGCCCA CTAGCCTGCC ATGTCCACAG TTCCTTGGGC TGCTGAGGGG CTAGTGCAGT 540  
15 GGTCTTGACC TCTCTTATCA AGAGCACACT TCTTTGCTGG TTGCTCCTTT TGAGCATATG 600  
CGTGTGATTA TTTGGAACAG TTAGACTTGC CACGTTGGGT CAGTTTTAGA AATTGTTTCT 660  
AGCTAGAGGG ACTGGTGTCC TTCCAAGTCT AGCATTTGGG GTATGGAAAA TTGTTGTGGT 720  
GTGTGGTAGG GTTTTTGTTT TCTTTTTTGA GTTTTTTTTC CCCCTTTAGT CTCCTGGCTT 780  
TTTCCTTTCC CTTCCCTTCT CCACTGGCCN AGCTTGGGCC TCATCCTCAT GTCATCCTTC 840  
20 TAGGAAGGCG CCTGCCCCAT CTTGTCTGCC GGCAGCATGC ATCCAAGGCC AGAGCTCAGG 900  
CCTGCAGACT GGGCTGGTGC CTCCTCCGCT TCAGGGTATG GGAGTTGGTG AAGGGGCTTT 960  
CAAAAAATAA TAAGAAAAAA AAGGTAAAGT CTTTGGTAGC TTCTATCCAC TCAGATCCTG1020  
GAAGGCAGCA AGGTTTGTG GATCTAGATT CATTAGGAAT GTCTTCTTGT CAGCCAGGCC1080  
AGGACCCGGG CTGCCAAGA GCAGAGGCCC TCCCAGCAAC CAGGATACCA CCACTTTGGG1140  
25 GGCTTTGTGT ACAGAGGTCC GGGTCTGAGA CCTCATAGGC TGCAGAAATC TGGGGCAGCC1200  
ACCATCAAGA AGCCCTCTC AGGGGCCAGA ACTCCTTTGC CAGCGTGGAT TTCTCAAGTC1260  
GGGACTGCAT AATTAAAGCA GTTGCAAGTT TATTTTTTTT ACAGCTTTT TCCCAAAAAT1320  
GATTTGTAGT TGTGTGTGCA GCACTTCGCC CTGATATGTG TGCTCTACAA TAAAAACCA1380  
ATCTAATAT 1389  
30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 62:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 535 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 62:

	TGTATTGAGG	TAATAAATTG	TTTTACTGAC	AATTTTTCCT	TTTTCTACAC	TAAAAACAATA	60
	TGTGATATAT	TTCCCCCTCTT	GAAGAGGCAA	TTCATTAAAC	TCTCAAATTT	TCTATAGAAT	120
5	CAAGATAGAA	CCTTTAGATA	CTCCAACCTCA	CCAAAATGTA	AAAAAACTAA	CAAAAATATT	180
	TGGTCTTCAA	TAATGCTAAA	TATCTACATT	TTTAGAATTT	ATCAACATTT	AACTAGATAA	240
	TTGGGCATGT	CTTAATTATG	CATGTACTTA	TCCATACTAA	TAAAATTGAC	AATGCTAGTG	300
	CATACTTATT	GGTTTAGTCC	TATTATCAGG	ATATAATCAT	CTGTGAGGAG	GATATTTTAA	360
	ATACTGTAAA	TGATAACAGT	TAATGATATA	CACATTTAGA	CTGAGTTGCA	CACTGGCAGG	420
10	GAGACCAAAA	ACATTACTTC	CATACTTGTC	TCATGATTCT	TTTTTTTTTG	AGAGAGTCTC	480
	ACTCTGTCGC	CAGGCTGGGA	GTACAGTGGC	ATGATCTCGG	CTCACTGCAA	CCTCT	535

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 63:

## 15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1098 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 63:

	GTGATTTGAC	ATTTGAACAA	ATTAGGAAGC	TGAATCCTGC	AGCAAACCAC	AGACTCAGGA	60
	ATGATTTCCC	TGATGAAAAG	ATCCCTACCC	TAAGGGAAGC	TGTTGCAGAG	TGCCTAAACC	120
40	ATAACCTCAC	AATCTTCTTT	GATGTCAAAG	GCCATGCACA	CAAGGCTACT	GAGGCTCTAA	180
	AGAAAATGTA	TATGGAATTT	CCTCAACTGT	ATAATAATAG	TGTGGTCTGT	TCTTTCTTGC	240
	CAGAAGTTAT	CTACAAGATG	AGACAAACAG	ATCGGGATGT	AATAACAGCA	TAACTCACA	300
	GACCTTGGAG	CCTAAGCCAT	ACAGGAGATG	GGAAACCACG	CTATGATACT	TTCTGGAAAC	360
	ATTTTATATT	TGTTATGATG	GACATTTTGC	TCGATTGGAG	CATGCATAAT	ATCTTGTTGGT	420
45	ACCTGTGTGG	AATTTTCAGCT	TTCTTCATGC	AAAAGGATTT	TGTATCCCCG	GCCTACTTGA	480
	AGAAGTGGTC	AGCTAAAGGA	ATCCAGGTTG	TTGGTTGGAC	TGTTAATACC	TTTGATGAAA	540
	AGAGTTACTA	CGAATCCCAT	CTTGGTTCCA	GCTATATCAC	TGACAGCATG	GTAGAAGACT	600
	GCGAACCTCA	CTTCTAGACT	TTCACGGTGG	GACGAAACGG	GTTCAGAAAC	TGCCAGGGGC	660
	CTCATAACAG	GATATCAAAA	TACCCTTTGT	GCTAGCCCAG	GCCCTGGGGA	ATCAGGTGAC	720
50	TCACACAAAT	GCAATAGTTG	GTCACATGCA	TTTTACCTGA	ACCAAAGCTA	AACCCGGTGT	780
	TGCCACCATG	CACCATGGCA	TGCCAGAGTT	CAACACTGTT	GCTCTTGAAA	ATCTGGGTCT	840
	GAAAAAACGC	ACAAGAGCCC	CTGCCCTGCC	CTAGCTGAGG	CACACAGGGA	GACCCAGTGA	900
	GGATAAGCAC	AGATTGAATT	GTACAATTG	CAGATGCAGA	TGTAAATGCA	TGGGACATGC	960

ATGATAACTC AGAGTTGACA TTTTAAACT TGCCACACTT ATTTCAAATA TTTGTACTCA1020  
GCTATGTTAA CATGTACTGT AGACATCAAA CTTGTGGCCA TACTAATAAA ATTAATAAAA1080  
GGAGCACTAA AGGAAAAA 1098

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 64:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1860 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 64:

30 TAAGATCCTG ACTCTGAAGC TTCAAAGTGA CACTGTGGAA ATCTGAAACG AGGGGATGTC 60  
ATGAAGGCAG CTTTCTTTT TCTGAGGAAA AAATAGGCAT GGGCTACAGG ACTATTTAAA 120  
ATGTCTCATT TACAGTATAA AACTCAAAGG TAGATGTAAT TTTTACACCT ATGAGTATTT 180  
GTCCAATTC TGTCTCTTCC TCACCATGG GTATCTATTC TTTATATGTA AATAAGATAA 240  
GGTCATCTGA TAGCCTTATT CAGTCTTCAT CATTTTCATC ATTGTTCCCTA TG TAGATTAT 300  
35 TGGACATTTA TTGTAGCACT ACATAACTGA TTATAAAAAAT CTGTAAATGA ATTAGCACTT 360  
TCATATTGAA ACAAGCCTGC TAGCCTATGT ATAAAATAGC AAAATGTTTG CTGTTTATAA 420  
AAAGATGTAA TGGGGTGGGG GGCAGGGGTA ATTTCAAGTT ATTAATTTAA AAATGAAC TA 480  
GCAATTTTGT ACCTGGTGAC TTTGTGGTGC ACTCACCTCT GATAGTGACT TGAATTCGGT 540  
ATGTAAAAAG GGGTAGTGG TATTTCATTG CTGCTAAAAA TGACAACCTCC CTCTGTGTCC 600  
40 TGTTTTTCTT AAAGCTGTCA GTGTACAAGT GGGTATTTGA ATACCAGACC TTAGTGATAA 660  
AAATAAAAAA GGTGGTATCT AGAGCATGTA AATTGGATAT AAAGTTCTGC TCTTAAAGAG 720  
TTGATCTAAG AGTATGGCTA AACATCTATA TATGCAATCT ATTAAGAGAA CTTAATTCGG 780  
CTATTATGTC TTGATTTGAT TGCAGTTTTT TCCTAATTAT AACAAATTTT TCCTCATTGG 840  
CCTGTTTTTA ATCCTGTGCC TAGAAGGAGT ACAAAATGCA CACTTTACAA AATTGATATT 900  
45 TAACACTTAC CCACTCCCCT TTCCCCATCT CTTCTACCGC TCTTGTTGAT CGTGGTATCT 960  
GATCTTGACT AGATAGGCTG AAGGCACATG GTTCCCTCCA AAAACCACTA TTGATACCAC1020  
TACAAAAACA AGCCAGCAAA AAGATACTGT AGAGAGGTTG GCTTGCTTCC CTCTCTTCT1080  
AACTGCATGT TGAAAAATAA GCCGTTATTG ATCTTAAACA TCGGTCAGAT GAGTCATACA1140  
TTGGGTTATT TTTTATATAC ATGTATACAC AAAATATTTT AAATTGAAAG CAACATCTTA1200  
50 ATGGATTCAA AACTATTACA AGCTGTTGTC TAAAACAGGT GAGAAAAAAA TTTATAACTG1260  
TAAAAACAAA TGCACATATT GATATTTAAA ATGCGTAATT AAGAAAACCC ATTGTTGTTG1320  
TGTTTTTCTT GTATACCAAT AATTAAGCCA CTACTGTTGG CACTGTTTGG TTTTCTATTT1380  
TAACACTGAA GGAGTGAAAG TATTTCCTAT ATTTATGAAT TTACTACTAA AATCTTGCA1440



AAAAAAGAAA AAAATTGTCT AACGTGTGTG GGTGAAACT GTTAATCAAG TGTTTCTACT1500  
CCCCCCCAGAA AATCCCCTGA AAGTTGGACA CCAACTGTAT ACCCTAGGTT GCTTAAAGGG1560  
ATTTCACTAT TATATAAGT CAATAAAAT GAAGTAGTTG TATATATGCA ACATTGTGTA1620  
CAGAGGGGAA ATAATGAATA GTATTAAAGA AACATTCTCG TCTTCCTTTA CCTTTAATCC1680  
5 CCTAATACCT AGTCTACTTT TTAATTTTTC AGACTTCACT GCTTTTGTGAA TTCATAATTC1740  
TAATTTTCAC ATTATTGTTA ATGGAAAATC ATATCTAATA AAGGTTTTAG TTATTCCCAT1800  
GCACAGTATG AAAATTCTCA TTTGCTGAGG TTTTGTTTCA AGAAAATGTA TTGGCATGTC1860

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 66:

- (A) LÄNGE: 205 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja  
20

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
:

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 66

CRTWSILRGR MWLSTNSAAD AINPWPGRSS RPRSRAAVPH RLLHLPVCA ELQGQQFYSL 60  
EGAPYCEGCV TDTLEKCNCT GEPITDRMLR ATGKAYHPHC FTCVVCARPL EGTSFIVDQA 120  
30 NRPHCVDPYH KQYAPRCSVC SEPIMPEPGR DETVRVVALD KNFHMICYKC EDCGKPLSIE 180  
ADDNGCFPLD GHVLCRKCHT ARAQT 205

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:

- 35 (A) LÄNGE: 150 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 67

AARALKRPFP SGPPLRDRSP SLESQSRKTP RLPEDLASGK KDYTFQRPLR RRDRKRRASR 60

VSLRVDPSDH GGPGVVADEV PHQKCGWGR RLPGVVRPGAA GAQRQEPGSP TEGWGGGPPR120  
HVPVQPVRVS ADRPADTPAP SPSKDLLSHP 150

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:

- (A) LÄNGE: 55 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja  
15

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
:

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 68

LLECRHHDGD VSSVGGPLQG PRVLQGGGLGV CEGAHQVASQ QGRLPRPERA GLPLT 55

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 69:

- (A) LÄNGE: 182 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja  
35

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
:

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 69

SVHFPAALRC ETAALLWSLR AARHHDQSQT LRRARKTTPS RGLCGAATGS GGRAECPCAW 60  
45 IRATMVARVW SLMRFLIKGS VAGGAVYLVY DQELLGPS DK SQAALQKAGE VVPPAMYQFS120  
QYVCQQTGLQ IPQLPAPPKI YFPIRDSWNA GIMTVMSALS VAPSKAREYS KEGWEYVKAR180  
TK 182

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 70:

50 (A) LÄNGE: 25 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 70

15

PEDSGLGPHS EGRPPDCRPN KGLQK

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 71:

20

- (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 71

DEKNTSFLYS DVGATSMKSV LYESYTKMGR HLVNCARYLK CMFRKAFYQL RNMTYF 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 73:

40

- (A) LÄNGE: 291 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 73

LERLVDIKKG NTLLQLHLKR IISDLCKLYN LPQHDPVEML DQPLPAEQCT QEDVSSEDED 60  
EEMPEDTEDL DHYEMKEEEP AEGKKSEDDG IGKENLAILE KIKKNQRQDY LNGAVSGSVQ120  
10 ATDRMLKELR DIYRSQSFKG GNYAVELVND SLYDWNVKLL KVDQDSALHN DLQILKEKEG180  
ADFILLNFSF KDNFPFDPPF VRVVSFVLSG GYVLGGGAIC MELLTKQGSW SAYSIESVIM240  
QISATLVKKG ARVQFGANKS QYSLTRAQQS YKSLVQIHEK NGWYTPPKED G 291

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74:

(A) LÄNGE: 253 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 74

RSVVRRCCLKM AAEEPQQQKQ EPLGSDSEGV NCLAYDEAIM AQQDRIQQEI AVQNPLVSR 60  
LELSVLYKEY AEDDNIYQQK IKDLHKKYSY IRKTRPDGNC FYRAFGFSHL EALLDDSKEL120  
35 QRFKAVSAKS KEDLVSQGFT EFTIEDFHNT FMDLIEQVEK QTSVADLLAS FNDQSTSDYL180  
VVYLRLLTSG YLQRESKFFE HFIEGGRTVK EFCQQEVEPM CKESDHIHII ALAQALSVSI240  
QVEYMDRGE GGT 253

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 75:

(A) LÄNGE: 108 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 75

EKFLNMGAPL GVGLGLVFVS SIGIYVSSTY PPVAGATLYS VAMYGGLVLF SMFLLYDTQK 60  
VIKRAEVSPM YGVQKYDPIN SMLSIYMDTL NIFMRVATML ATGGNRKK 108

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:

(A) LÄNGE: 164 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
15 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 82

30 MHRDSCPLDC KVVYVGNLGNN GNKTELERAF GYYGPLRSVW VARNPPGFAF VEFEDPRDAA 60  
DAVRELDGRT LCGCRVRVEL SNGEKRSRNR GPPPSWGRRP RDDYRRRSPP PRRRSPRRRS 120  
FSRSRSRSL S RDRRRERSLS RERNHKPSRS FSRSRSRSS NERK 164

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:

35

(A) LÄNGE: 138 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 83

EAALTLCHELL SSWVSLES LT LSYNGLGSNI FRLDLSRAL SGQAGCRLRA LHLSDLFSPL 60  
PILELTRAIV RALPLLRLVLS IRVDHPSQRD NPGVPGNAGP PSHIIGDEEI PENCLEQLEM120  
XISTGSPASP TAVLRSEGLG FSAAAVPG 148

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90:

(A) LÄNGE: 145 Aminosäuren

10

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

20

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 90

25 EDGADGAFYP DEIQRPVVRV PSWGLEDNVV CSQPARNF SR PDGLEDS EDS KEDENVPTAP 60  
DPPSQHLRGH GTGFCFDSSF DVHKKCPLCE LMFPNYDQS KFEHVESHV KVCPMCSEQF 120  
PPDYDQQVFE RHVQTHFDQN VLNFD 145

## 30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 91:

(A) LÄNGE: 282 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

35

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 91

50 DKSSACRRNG NYSDEKKDAM YWEKRRKNNE AAKRSREKRR LNDLVLENKL IALGEENATL 60  
KAELLSLKLK FGLISSTAYA QEIQKLSNST AVYFQDYQTS KSNVSSFVDE HEP SMVSSSC120  
ISVIKHSPQS SLSDVSEVSS VEHTQESSVQ GSCRSPENKF QIIKQEP MEL ESYTREPRDD180  
RGSYTASIYQ NYMGNSFSGY SHSPPLLQVN RSSNSPRTS ETDDGVVGKS SDGEDEQQVP240

KGPIHSPVEL KHVHATVVKV PEVNSSALPH KLRIKAKAMQ IK

282

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:

- 5 (A) LÄNGE: 92 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 92

20

MASLGHILVF CVGLLTMAKA ESPKEHDPFT YDQSLQIGG LVIAGILFIL GILIVLSRRC 60  
RCKFNQQQT GEPEEEGTG RSSIRRLSTR RR 92

## 25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 93:

- (A) LÄNGE: 140 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 93

WTGTGRGAVA IMADPDPRYP RSSIEDDFNY GSSVASATVH IRMAFLRKVY SILSLQVLLT 60  
TVTSTVFLYF ESVRTFVHES PALILLFALG SLGLIFALT L NRHKYPLNLY LLFGFTLLEA 120  
45 LTVAVVVTSM MYILSASFHT 140

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 97:

- 50 (A) LÄNGE: 51 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 97

15

FFPLLLPLHT PVAGRNLGFP ESLGVPPFLP HPGGTTPRAPG LFLLLF SFWA V

51

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 98:

20

- (A) LÄNGE: 53 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 98

FFLYSF PFTP PWLEGTSASL KAWGSHPSYP TREERPGPRA CFSSCF PFGQ FDH

53

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 99:

- (A) LÄNGE: 52 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja



(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 99

10

PLDCATFVFV FLNFFKPRMI SPASFSSPSS QTEFKGHFSS SFWHLQPQSG IF

52

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 100:

15

(A) LÄNGE: 122 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 100

30

PFSSSVSFFG TAPSCILLEGW ILVCALDRYR INTCALRTGS PRFIQSAHYR KLLCQNPQKD 60  
PTPGSPSSLL TSTRVLLFF ILLFYCFCCG HYHWQSSFSP FLDIGVLSLK DSTLRLKVPK120  
AA 122

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:

35

(A) LÄNGE: 126 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 101

LFFFCFLFWD CAIMFIRRLD FGVCSRQIQN KYLRLENRKS TIHTKCSLQE VAVSKSRQGP 60  
NSGQPLLPA LNKGCAIVFY FIILLLLWS LSLAKFLFPF PGHRGPVFKR FHSEAEGAKS120  
CLRSGL 126

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:

(A) LÄNGE: 73 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

10

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 102

25

IDFEGKERGK GQGRDTPPLP LSWAQLGKG RERITFFKL LFSEWNKLGQ GAQALSSVPH 60  
TPLLRSFIQK NIS 73

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:

30

(A) LÄNGE: 144 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 103

45

ILRGRREGRV RVETPLPCPF PGPRSWGEGG KGFLHFLNCY FLNGTSWAKG PRPCPLSLTP 60  
LCSVHSFKKT FLEHLLCPAY ARPTS\*VCVG GLYASSSVPP CPSFTGAFGG SVGGGTFCGV 120  
WGSPGSPTKL SPSPVPTHLL QPPA 144

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 104:

- (A) LÄNGE: 116 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 104

CRPTIFTTPRP PALGEGSTTT SPLDIPLGTG MWVPLTVRPW GEPKALTSGI AMLGGGASET 60  
VGRQDILGAA PSQQGIRQGA VGDGLAQGKG TAWSGFLEIP KPHRRSHLLQ IPQRHR 116

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105:

- (A) LÄNGE: 22 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 105

RMGKEALMSW RRDPPHTLSW WA

22

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 109:

- (A) LÄNGE: 165 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:109

10

GAGPWEAFPD GIGRRSRRAR LPQYKRPPGG GGGGDSGRRN MAVADLALIP DVDIDSDGVF 60  
KYVLIRVHSA PRSGAPAAES KEIVRGYKWA EYHADIYDKV SGDMQKQGCD CECLGGGRIS 120  
HQSQDKKIHV YGYSMAYGPA QHAISTEKIK AKYPDYEVTW ANDGY1 65

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 111:

(A) LÄNGE: 33 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 111

35

PSSPSLPVLR AGLRPFCDVL PGCGCVRFLC SCL

33

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 112:

(A) LÄNGE: 31 Aminosäuren

40

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 112

5 ETCAGAGRCA ADGGNGSGSR VPPASRCCAL G 31

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113:

10 (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 113

25 KRAQAPAAAL QMAEMDPVAE FPQPPGAARW AEALLRCFTW LRLCQISMFL SLKCLNTRSS 60  
HLGAHCR 67

## 30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:

(A) LÄNGE: 246 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 114

GCVAGSAGLS RKSPWTEVET ETFLGSPRYS RRVRSYWLL GLMAVRASFE NNCEIGCFK 60  
LTNTYCLVAI GGSENFYSVF EGELSDTIPV VHASIAGCRI IGRMCVGNRH GLLVPNNTTD 120  
50 QELQHIRNSL PDTVQIRRV ERLSALGNVT TCNDYVALVH PDLRETEEI LADVLKVEVF 180

RQTVADQVLV GSYCVFSNQG GLVHPKTSIE DQDECLSFQV PCCGDVNEAL SDSWDVYNVS 240  
FVPETT 246

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 116:

- 10 (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 116

25 MGYNLSPQFT QLLVSRYCPR SANPAMQLDR FIQVCTQLQV LTEAFREKDT AVQGNIRLSF 60  
EDFVTMTASR ML 72

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 117:

- 30 (A) LÄNGE: 35 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 117

45 EHTHRCSDQL RLATVSNSVA SKREVYLCPA IGHLG 35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 118:

- 50 (A) LÄNGE: 40 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 118

15 ATLWLAKKEKF ICAQPLVTLG DAPDSRQMLV HWPSSSFLLK

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:119:

20

- (A) LÄNGE: 33 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 119

QKRSLFVPSH WSPWVMHQIA GRCWFIGLRP LSS

33

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 120:

- (A) LÄNGE: 161 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 120

10 LSSRSFIST SWGAFVFFCL LSCGSLVLAG FEGASTSMV FSFWASRICW RSFLRFFPDS 60  
VMLARALDAR FLRWCRVISP WSITAPTTRC LRRRSRFNTR RRLNSFFFSS VRGRLIFPPG 120  
APIVAIPLQF TVRTSAQRRI RGLRPGLPRA NRNSGAGPRA I 161

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 121:

15

(A) LÄNGE: 49 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 121

FFQSARALLQ MELTAREALL QSFFCTFFPP KDIPLGEVSR PLGRRKSGE

49

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 122:

35

(A) LÄNGE: 25 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 122



KGALLLSKSS ETTTESEGWL QLRIF

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 123:

5

- (A) LÄNGE: 25 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 123

WKRFSSHLQG PSFLHPGGLL SSFAF

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 124:

25

- (A) LÄNGE: 160 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 124

WLLQLKPHLL AHHPKGLPH RGAPLYSPRT RPRVAIGPRK AGAEPADPAL SGSTDRELEW 60  
NRDYGSSGGK DQPAPNGAEE EAVQTPAGVE SGAASEAPGG RGCDRPRADH AAPPQEAGVQ 120  
CTCQHYTEVRE EAQKTPPADP ACPEREDSHG SGSPFKASQD 160

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 128:

50

- (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 128

FFFPCQFFIG SGTHEVQLVP GTVHSLKQLK GLSPDTPATL SRMHGPGLTL SMEEVGSARG 60  
GRMVARDTES LVLGLWLS 78

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 129:

(A) LÄNGE: 110 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 129

CALLPPTPSR TEPSLHSTGD SGKGAEDRQE AHRDRPTGSQ AAPEERDIQ TEESLPAPHSF 60  
QDEKNLPPPP DTDAREVGGR SGKFFFPVPP RTSEPSMLNF FFIKITFIL 110

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 130:

(A) LÄNGE: 102 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 130

10 SLPADVPCCP PPHPAQNHPC IPQGTRARVP KIDKRHTETD QLAARQPQRR ETFRQRKVSL 60  
PLIPSKMRKT CRHPPTLMPG RWEEEVGNFP SQYPQERLSL QC 102

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 131:

15 (A) LÄNGE: 31 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 131

30 LCQLMCPVAP HPIPHRTIPA FHRGLGQGCR R 31

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 132:

35 (A) LÄNGE: 166 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 132

GFRPARCDPV PLPTTRSVAG LPVGRVRQLS RPLLGPDTGS VANIFKGLVI LPEMSLVIRN 60  
LQRVPIPIRA PLRSKIEIVR RILGVQKFDL GIICVDNKNI QHINRIYRDR NVPTDVLSFP 120  
FHEHLKAGEF PQPDFPDDYN LGDIFLGVEY IFHQCREDED YNDVLT 166

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 133:

- (A) LÄNGE: 244 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

20

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 133

FDPKLEGGKV KEDPDQGESM KPLTFARFYL PILVPSAKKA IYMDDDVIVQ GDILALYN TA 60  
LKPGHAAAFS EDCDSASTKV VIRGAGNQYN YIGYLDYKKE RIRKLSMKAS TCSFNP GVFV 120  
ANLTEWKRQN ITNQLEKWMK LNVEEGLYSR TLAGSITTPP LLIVFYQQHS TIDPMWNVRH 180  
LGSSAGKRY S PQFVKA AKLL HWNGHLKPWG RTASYTDVWE KWIYIPDPTGK FNLIRRYTEI 240  
SNIK 244

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 134:

- (A) LÄNGE: 63 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 134

PSFIIHSNPI WLGALLWVSH CPSSILGSLR PRGGKIQLRV GGSEPCRIMK ATCFGNDLPL 60  
PVV 63

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 135:

- 5 (A) LÄNGE: 69 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 135

20 DYLRLLSSGFC QNTPLTESTE GMGVGGLGRV RLECEGSLIY AELKSPSLYV HTFVLFSRLI 60  
LAIPNPLPR 69

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 136:

- (A) LÄNGE: 47 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 136

QPFYFNTPL SILHFPPLSK LNLVHRVGLC MCMQEVGVDS ALGWNPP

47

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 137:

- (A) LÄNGE: 83 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel

50

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 137

15 VPPCPQLREL CPGVNNQPYL CESGHCCGET GCCTYYYELW WFWLLWTVLI LFSCCCAFRH 60  
RRAKLRLQQQ QRHVEINLLA YHG 83

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 139:

20 (A) LÄNGE: 88 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 139

35 WKSQQLHRML LTRTEFWYLS TEVSTMFTCK RLRKKPLKWT GIQSSFVTH QSDKRLVTTL 60  
PGLFSFYNSS SIHNDFVLCS IFFNPLSI 88

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 140:

(A) LÄNGE: 21 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 140

CYMHFLTFVK NVTIVKKCTK M

21

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 141:

(A) LÄNGE: 58 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 141

MEIEQVHFPA YRQLYDNLNI FSSCLVKVKE KGFFLPQDIT FFYITSITHH CFWWKSAE

58

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 142:

(A) LÄNGE: 21 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 142

50

NSFLTQMMVL QNNKMAEHFH K

21

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 143:

5 (A) LÄNGE: 44 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 143

20 SVTKSGFLIP CHLGDFILLC CFKIQCREVV DCRGNKVNSN FEKK

44

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 144:

25 (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 144

NPPNDKVSEI QTSLSHCEN VQPFYCSVKE PSSGSKMNSI NQRIFYTLEK KISSNILTEY 60  
CKLHFSS 67

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 145:

(A) LÄNGE: 65 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
50 (C) STRANG: einzel



(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 145

15 KVHTILHFST KSSGVLCLLY KKKLYPVAGK TLSLSLLLNN WRKCSSLYKV AYKLESELVQ 60  
SPFTF 65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 146:

20 (A) LÄNGE: 55 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 146

35 KIWSREQNHC EWMNCKMKK VQAKLLQVFC HFDESQKMN F GYLSTLRVFS LIFCM 55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 147:

40

(A) LÄNGE: 113 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 147

IPEDPHIDES KAKHQAIIMS TSLRVSPSIH GYHFDTASRK KAVGNIFENT DQESLERLFR 60  
NSGDKKAEER AKIIFAIDQD VEEKTRALMA LKKRTKDKLF QFLKLRKYSI KVH 113

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 148:

(A) LÄNGE: 88 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
15 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 148

30 MQHFAATLQA SLLSGLQRLE RDRDWKGTRT EQTGYKDSKQ FHALCCYRGE QNAFSKDLKT 60  
LPSLQERIDA DRRAWTDVMR TKENDGWR 88

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 149:

35 (A) LÄNGE: 143 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 149

50

VVEGPDCGHH GDAGAEVPRC LWPRSGICGR ECGLGDRWFL RVEDRQDLNR QRIQRYAQAF 60  
HTRGSEDLK DSVEKLELGC PFSPHLSLPM PSVSRSTSR SANWERLRQG TLRRDLRGII 120  
NRGLEDGESW EYQI 134

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 152:

(A) LÄNGE: 99 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

10

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 152

25 MKVSAALLCL LLIAATFIPQ GLAQPDAINA PVTCCYNFTN RKISVQRLAS YRRITSSKCP 60  
KEAVIFKTIV AKEICADPKQ KWVQDSMDHL DKQTQTPKT 99

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 154:

30

(A) LÄNGE: 52 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 154

45

VFFFTAENWW YFHIHSVSIQ FQYPHLMRKK CFTNEGGILK LAVMLGWRKF GI 52

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 155:

50

(A) LÄNGE: 25 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 155

FFFLQKIGG IFTFIVFLSN FSTHI

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 156:

20

- (A) LÄNGE: 40 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 156

ISCNVRLEKI WYLG YFQGTI KSDFCFFVKK NFFNQYCFYK

40

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 157:

- (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 157

10 NANYCIHHKL KKRTCIRRLK TRKKIQHPNM YSQEGNQFCN RTGIMNYKQE GVEKEEKKMC 60  
IEFKTL 66

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 158:

15 (A) LÄNGE: 23 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 158

30 PCCEVLAVGV NVWKCSQQVC WGV 23

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 159:

35 (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 159

PAVKSQVILV MCGNAVSKFA GEFDKSIQN KKSLLGIILFH DFFCSFTPEG RNLQVVEE 60  
EGGEQVY 67

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 160:

- (A) LÄNGE: 108 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
10 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 160

25 EGEPACSGIQ ARRVTCPSP RDASPAPASE TSLSVPTLV GGSDLIHFQV GSGPTPGPAE 60  
DRAARPSWLT LQLALGWGGR ELMSVASLSW GFPACPVVSC PRCYRGCA 108

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 161

- 30 (A) LÄNGE: 20 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 161

45

FCSTTSSVAL HQKEGMGYSR

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 162:

50

- (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 162

IPGLKYFVGI AYYIILADEP QDNGYRHTHT YHTKSQLLK SGLGIRLLCP VKNSCTEVIV 60  
T 61

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 163:

- (A) LÄNGE: 22 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 163

LMNLRTTATD THIHTRTQNL SC

22

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 164:

- (A) LÄNGE: 37 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 164

10 TSGQRLQTH T YIHAHKISAV EEAWNQTSV SSKLLH

37

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 165:

(A) LÄNGE: 72 Aminosäuren

15 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 165

30 TVPFSVSASG FHLIFFALPI LFQPVAKNHE TRQWKHRHRR RGPSCALKAG KTASGAGEVV 60  
RCLSEQSVAI SR 72

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 168:

35

(A) LÄNGE: 25 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:



## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 168

LISTSEEVLT FSMLHRNWYN MPSVY

25

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 169

(A) LÄNGE: 20 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

10

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 169

LKLLAWSYLH SFCVLFASCI

20

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 170:

(A) LÄNGE: 32 Aminosäuren

30

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 170

LLACCTETGI TCLQYTNTHM LSFVLFWQLT RS

32

45

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 171:

50

(A) LÄNGE: 50 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 171

IALSCCFNVV HTIASQTCYS SVICSVVTKV TGLVLFAQFL RLVCFHLIN

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 172:

20

- (A) LÄNGE: 51 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 172

EHYTIGFQYC THKIHTCVQK VSSRLVIPF TWKINEGNLY ILYKNKSKFI Y

51

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 173:

40

- (A) LÄNGE: 239 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 173

LFIFHRNNTN NWREIPENLM DQYSEVNAIS TACSNVPECE EEMVSGLFKQ WMENPNNNPI 60  
HPNLRSTVYC NAIAQGEEEE WDFAWQFRN ATLVNEADKL RAALACSKEL WILNRYLSYT 120  
10 LNPDLIRKQD ATSTIISITN NVIGQGLVWD FVQSNWKKLF NDYGGGSFSF SNLIQAVTRR 180  
FSTEYELQQL EQFKKDNEET GFGSGTRALE QALEKTKANI KWVKENKEVV LQWFTENSK 239

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 183

15

(A) LÄNGE: 109 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 183

YANQSSSLRF KIKYKLLCFS THSGSIVPEP DCYFFILNII FPHLICLPLI HRHLEKEMGG 60  
CLLSLSLCFV PVVRLAASVA RWAWLEPWVR QVAGGDRERL RGKWWHLLL 109

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 184:

(A) LÄNGE: 33 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 184

SLFLSSTGVS APLQGQSKSL HPEPPPIPVH FSR

33

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 185:

(A) LÄNGE: 46 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 185

HSFSARLEFL HLCRGKVSPC TLNHPPFLFI SADNDGGGGV SIVLRV

46

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 186:

(A) LÄNGE: 105 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 186

VEGTCSDGVF SGFLAPGCAV HRPFRPWPQH PQQGQWKCQS SKCHHFPLSL SLSPPATCLT 60  
HGSNQAHRAT DAASLTGTGK QRERDNRHPP ISFSKCLWMR GRQIR 105

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 187:

- 5 (A) LÄNGE: 73 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 187

20 RGHAVTEYLV GSLLLVQFT GPTGLGPSIP SRDSGSVRV NATTSLSASP CPRQPPASPT 60  
ALTKPTEQLT LPV 73

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 188:

- 25 (A) LÄNGE: 28 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 188

MFFIFFMLSI QALFHGQQVI FHNVDFFK

28

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 189:

- 50 (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 189

LLNTAILWLL LVFLWYVVWE CLWNYQYLKF SKEPWKSITL NESLSLYMNY VLKFDQLSLR 60  
HKTVI 65

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 190:

(A) LÄNGE: 30 Aminosäuren

20

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 190

35

CFSFFSCYLS KHCSMVSKSY FIMWIFQNNY

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 191:

40

(A) LÄNGE: 41 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 191

5

FFFFVTNVFY LFINKKCIVQ ALYPNPSTQK KINNRPWMAQ T

41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 192

10

(A) LÄNGE: 29 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 192

YKPFIPQVL RKRLTIDPGW HRHNLFGVI

29

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 193:

30

(A) LÄNGE: 33 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 193

SSHMTNTYD FSRNIIRRL NLLQQQKFN PLN

33

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 194:

(A) LÄNGE: 153 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
5 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
15 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 194

20 TPLRKEVLKS KMGKSEKIAL PHGQLVHGIH LYEQPKINRQ KSKYNLPLTK ITSARNENN 60  
FWQDSVSSDR IQKQEKKPFK NTENIKNSHL KKSFLTEVS QKENYAGAKF SDPPSPSVLP 120  
KPPSHWMGST VENSQNREL MAVHLKTLK VQT 153

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 195:

25 (A) LÄNGE: 304 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
:

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 195

45 SLYYYGIRDL ATVFFYMLVA IIIHAVIQEY MLDKINRRMH FSKTKHSKFN ESGQLSAFYL 60  
FACVWGTFIL ISENYSISDPT ILWRAYPHNL MTFQMKFFYI SQLAYWLHAF PELYFQKTKK 120  
EDIPRQLVYI GLYLFHIAGA YLLNLNHLGL VLLVLHYFVE FLFHISRLFY FSNEKYQKGF 180  
SLWAVLFVLG RLLTLILSVL TVGFLARAE NQKLDFTGN FNVLAIVRIAV LASICVTQAF 240  
MMWKFINFQL RRWRHSAFQ APAVKKKPTV TKGRSSKKG TENGVTGLTS NVADSPRNKK 300  
EKSS 304

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 201:



(A) LÄNGE: 198 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:201

KMTTAARPTF EPARGGRGKG EGDLSQLSKQ YSSRDLPST KIKYRQTTQD APEEVRNRDF 60  
RRELEERERA AAREKNRDRP TREHTTSSSV SKKPRLDQIP AANLDADDPL TDEEDEDTEE 120  
ESDDDDTAAL LAELEKIKKE RAEKGQGP GK GPRAKKALRG GRVSFWENIG WAGNPFPLIL 180  
SLAHSKLKAD FEKFERRV 198

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 202:

(A) LÄNGE: 55 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:202

VLIFLVFLLD GKAVGINRGQ RLMLEWPVEV VEQSSHLLSG AVSGWVYLKA TKCFG 55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 203:

(A) LÄNGE: 66 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:203

SPGFFLSLPF STGXAWASSS CHPSRKAPAP SCLPAACIQG QSSGLQTGLV PPPLQGMGVG 60  
EGAFKK 66

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 204:

(A) LÄNGE: 161 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:204

HLGYGKLLWC VVGFLFSFLS FFSPFSLAF SFPFPSPLAK LGPHPHVILL GRRLPHLVCR 60  
35 QHASKARAQA CRLGWCLLRF RVWELVKGLS KNNKKKKVKS LVASIHSDPG RQQGFVDLDS 120  
LGMSSCQPGQ DPGLPRAEAL PATRIPPLWG LCVQRSGSET S 161

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 205:

(A) LÄNGE: 37 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

45

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 205

LDLVFIVEH TYQGEVLHTQ LQIIFGKKAV KIKLQLL

37

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 206:

10

(A) LÄNGE: 32 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 206

ENYFAFSVNL RSVLNKVQSS ARPFP SLMSA LG

32

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 207:

(A) LÄNGE: 102 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 207

CMLQINLYFF PLGFSKNTT STPNEHGTCL FLPLLIYSRF SSVFFSNAAF SCSSGLLSGS 60  
IVAKDSIRST LHSDVKHSHC LDSSSF LSSN SITDKASVLT DE 102

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 208:

- 5 (A) LÄNGE: 34 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 208

20

VLFSKEYVID LQVSSRISAK ASGSACSSSK SINP

34

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 209:

25

- (A) LÄNGE: 43 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 209

40

VAHWQGDQKH YFHTCVMILF FLRESHSVAR LGVQWHDLGS LQP

43

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 210:

45

- (A) LÄNGE: 204 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 210

DLTFEQIRKL NPAANHRLRN DFPDEKIPTL REAVAECNLH NLTIFFDVKG HAHKATEALK 60  
KMYMEFPQLY NNSVVCSEFLP EVIYKMRQTD RDVITALTHR PWSLSHTGDG KPRYDTFWKH 120  
15 FIFVMMIDILL DWSMHNILWY LCGISAFILMQ KDFVSPAYLK KWSAKGIQVV GWTVNTFDEK 180  
SYYESHLGSS YITDSMVEDC EPHF 204

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 214:

20

(A) LÄNGE: 33 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 214

SFKVTLWKSE TRGCHEGSFS FSEEKIGMGY RTI

33

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 215:

40

(A) LÄNGE: 61 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 215

NSKVDVIFTP MSICPISVSS SPLGIYSLYV NKIRSSDSLI QSSSFSSLFL CRLLDIYCST 60  
T 61

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 216:

(A) LÄNGE: 24 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 216

PMYKIAKCLL FIKRCNGVGG RGNF 24

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 217:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 1880 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
35 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

## (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 217:

5 CGCCGGGGGGC CGGGGGCGGC CCAGGGGGGGG GCCCGGGGGCC GGGGCCCTGC CTGAGGCGAG 60  
AGCTGAAGCT GCTCGAGTCC ATCTTGCCAC CGCGGCCACG AGCGCTTCCG CATTGCCAGC 120  
GCCTGCCTGG ACGAGCTGAG CTGCGAGTTC CTGCTGGCTG GGGCCGGAGG GGCCGGGGCG 180  
GGGGCCGCGC CCGGACCGCA TCTCCCCCA CGGGGGTCGG TGCCTGGGA TCCTGTCCGC 240  
10 ATCCACTGCA ACATCACGGA GTCATACCCT GCTGTGCCCC CCATCTGGTC GGTGGAGTCT 300  
GATGACCCTA ACTTGGCTGC TGTCTGGAG AGGCTGGTGG ACATAAAGAA AGGGAATACT 360  
CTGCTATTGC AGCATCTGAA GAGGATCATC TCCGACCTGT GTAACTCTA TAACCTCCCT 420  
CAGCATCCAG ATGTGGAGAT GCTGGATCAA CCCTTGCCAG CAGAGCAGTG CACACAGGAA 480  
GACGTGTCTT CAGAAGATGA AGATGAGGAG ATGCCTGAGG ACACAGAAGA CTTAGATCAC 540  
15 TATGAAATGA AAGAGGAAGA GCCAGCTGAG GGCAAGAAAT CTGAAGATGA TGGCATTGGA 600  
AAAGAAAAT TGGCCATCCT AGAGAAAATT AAAAAGAACC AGAGGCAAGA TTAATAAAT 660  
GGTGCAGTGT TGGCTCGGT GCAGGCCACT GACCGGCTGA TGAAGGAGCT CAGGGATATA 720  
TACCGATCAC AGAGTTTCAA AGGCGGAAAC TATGCAGTCG AACTCGTGAA TGACAGTCTG 780  
TATGATTGGA ATGTCAAAT CCTCAAAGTT GACCAGGACA GCGCTTTGCA CAACGATCTC 840  
20 CAGATCCTCA AAGAGAAAGA AGGAGCCGAC TTCATTCTAC TTAACCTTTC CTTTAAAGAT 900  
AACTTTCCCT TTGACCCACC ATTTGTCAGG GTTGTGTCTC CAGTCCTCTC TGGAGGGTAT 960  
GTTCTGGGCG GAGGGGCCAT CTGCATGGAA CTTCTCACCA AACAGGGCTG GAGCAGTGCC1020  
TACTCCATAG AGTCAGTGAT CATGCAGATC AGTGCCACAC TGGTGAAGGG GAAAGCACGA1080  
GTGCAGTTTG GAGCCAACAA ATCTCAATAC AGTCTGACAA GAGCACAGCA GTCCTACAAG1140  
25 TCCTTGGTGC AGATCCACGA AAAAAACGGC TGGTACACAC CCCCCAAAAGA AGACGGCTAA1200  
CCCTGGAGTA TCACCTTCC TCCCTCCCCA GGCACCACTG GACCAATTAC CTTTGAATGC1260  
TGTATTTGGA TCTCAGCTG CCTCTGTGGT TCCCTCCCTC ATTTTTCCTG GACGTGATAG1320  
CTCTGCCTAT TGCAGGACAA TGATGGCTAT TCTAAACGCT AAGGAAAAAA AACAAACACA1380  
GAACTGTTTC AAGTACTCAA GACTGACTTA CAGACCAACC AACCACCTTG CTGGAACCT1440  
30 TGCTAGCAGG CATTCTTATA AAAGAACTT TCGAGCCTCC TTATATTGCT GGAACTCAG1500  
CTGTGCTCCA GACTAGAGCC TCCTTACCTA TGCTATGGAT TTTTAATTTA TTTTCTCTTA1560  
TTTCATGTAC ACTGCTTTTT TTGGTTACAG TGTATGATGG ATGTGTATGA AAAAAATGTA1620  
TCTTTGGGAA AACAATTACA GTTTGTAAAT TTGGAAAAAA AAAAAATGAC TCATCTTTAT1680  
TTTTATTTCG ACATCCCACC CCATCCCCTG GAACTACTTG GGGAGGTGGG GAGGGGTACG1740  
35 AGTCCACTGT TGGCTTGGTA GGAGATGAGA GGCCGCATT GCTGCTTAAG CAAGGGGAAC1800  
TGGGGCTGAG CACACACCG GGTGCCCCCG GATTTTTCCT CAAGGGCTCT GGAGCAACGG1860  
CACCGGCCCC TTGGGATGCA 1880

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 218:

40

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1024 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

45

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 218:

```
10 GCGGTCGGTA GTGCGGCGCT GTTTAAAGAT GGC GGCGGAG GAACCTCAGC AGCAGAAGCA 60
GGAGCCGCTG GGCAGCGACT CCGAAGTGTT AACTGTCTGG CCTATGATGA AGCCATCATG 120
GCTCAGCAGG ACCGAATTCA GCAAGAGATT GCTGTGCAGA ACCCTCTGGT GTCAGAGCGG 180
CTGGAGCTCT CGGTCTCTATA CAAGGAGTAT GCTGAAGATG ACAACATCTA TCAACAGAAG 240
ATCAAGGACC TCCACAAAAA GTACTCGTAC ATCCGCAAGA CCAGGCCTGA CGGCAACTGT 300
15 TTCTATCGGG CTTTCGGATT CTCCCCTTG GAGGCACTGC TGGATGACAG CAAGGAGTTG 360
CAGCGGTTCA AGGCTGTGTC TGCCAAGAGC AAGGAAGACC TGGTGTCCA GGGCTTCACT 420
GAATTCACAA TTGAGGATTT CCACAACACG TTCATGGACC TGATTGAGCA GGTGGAGAAG 480
CAGACCTCTG TCGCCGACCT GCTGGCCTCC TTCAATGACC AGAGCACCTC CGACTACCTT 540
GTGGTCTACC TGCGGCTGCT CACCTCGGGC TACCTGCAGC GCGAGAGCAA GTTCTTCGAG 600
20 CACTTCATCG AGGGTGGACG GACTGTCAAG GAGTTCTGCC AGCAGGAGGT GGAGCCCATG 660
TGCAAGGAGA GCGACCACAT CCACATCATT GCGCTGGCCC AGGCCCTCAG CGTGTCCATC 720
CAGGTGGAGT ACATGGACCG CGGCGAGGGC GGCACCACCA ATCCGCACAT CTTCCCTGAG 780
GGCTCCGAGC CCAAGGTCTA CTTTCTCTAC CGGCCTGGAC ACTACGATAT CCTCTACAAA 840
TAGGGCTGGC TCCAGCCCGC TGCTGCCCTG CTGCCCCCTT CTGCCAGGCG CTAGACATGT 900
25 ACAGAGGTTT TTCTGTGGTT GTAAATGGTC CTATTTTACC CCCTTCTTCC TGTCACATGA 960
CCCCCCCCCA TGTTTTATTA AAGGGGGTGC TGGTGGTGAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA1020
AAAA 1024
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 219:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2383 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

35

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 219:



```

CCCTTCATTA AAGCCCTCCT AAATATAACT CTTCTGTATC AAAGGACTTA CAAATGTCTC 60
AAGAAAGTAA TGGTGTAGCA GTGTAAGAGA AGTAAAAGTC TGCTAGGGGA AACTAATGAA 120
GCATTTTCCT CATTACACTT TTGGGTTGAT ATATTTTCATT AAGACAGAAC TAGTTCTGTT 180
5 TTGCTTTGCT TTTTAGTGCT TAGTCTGAGA GGCAATGCGA GAAACCAAAA GTCTTAGGAG 240
AAAAACTGCT TTCATAATTT CCAGTGTAAG CCACAAAGAA GCTTTTCTAT AAAGGCTTGA 300
AAGCTTGAAG AGGTGACAAG AGCAAGCTGT ATTCAATTAG ACAGTTCAAT AAATATGCAA 360
AAATAAAAAA ACACTTATCA ATCATGAGTA TACTGTTTGT ATTCTGGAAA AAGCAACATA 420
TTTCATGCTT TGAATATTTT CTCTTGAGAA TAGTTTTAAA GTTATTTTCTT TTTGTAACAT 480
10 TCAAAAAGTAA AACACACATA TATAATTCCA TCAAGGATTCT TCTGTATGAT TAACATTCTG 540
TACAAGTCAA ACATGACCAC ATCTATATTG GAAAGAGAGC ACTGAGAAGC AACAGCAGGA 600
GAATGCATCA CCTGTGCCTG TTTCAGGATG AACAGTTTTG TTAAGTTCAG CAGATGAATG 660
TAACAATGAC CACTTGTTTC CAAATACCCA GATGTTTCTT ACTGGCTCCT CACTAATCAA 720
TAACACAAGT GCTAAGTTCT AAGTATTTAA AAAAACAAAA GACTGCAGGT GACTCCTTCT 780
15 CTCTGGTCCC TTTACCAAAG CTCCAAATCA CTTATGACAT TAATTACAAT ATTCTGCACT 840
CCAAAAAAT ATGCAAACAC AGGTTTGCTA AATTTTAGTT ACTCAGTGAA CCTACTAAAT 900
TTTAAAGTAG AAAAAAGACT TACATTCTCA TGACACAAAC TTTAGTTTTT ACATTACCA 960
AAACATTTTA AAATCACTCA AACATGAGAA TTGAAAATGT GTGTGCTTAT TTGGGAGAGG1020
ATTACTGCAT TTATTCTCCA GAAAAAAGG CAGACCTGAG GCATCACATT ACCGGAACAT1080
20 TTAAATATGA TGACATGTTT CTTATCTTCT AAACCTCAAC GAAAGCTGCT TGTACAACT1140
ATTTAATGCA TATCTGCCCC ATTAAACAAG ATATTTGATG TAGCAGAGAA GCCAGAAGCT1200
GAGTCACTTC ATTTCTTTCT GTTGCTTCCA GTTGCCAGCA TAGTTGCAAC TCGCATAAAT1260
ATATTTAATG TATCCATGTA GATACTCAGC ATCGAGTTAA TGGGATCATA TTTTGAAC1320
CCATACATTG GTGATACTTC TGCACGCTTG ATTACTTTCT GGGTATCATA CAGAAGGAAC1380
25 ATGCTGAAAA GAACTAATCC ACCGTACATT GCCACTGAGT AAAGAGTGGC ACCAGCCACG1440
GGTGGTAGGT GGAAGAAACA TAGATCCCAA TGAGGACACA AAGACGAGAC CCAGGCCAC1500
TCCCAGGGGT GCACCCATGT TCAGAACTT TTTACTGGGC GCACACATGG CCACAGTGGA1560
GAGGCCTCCC ACAATGCCAG CTGTGTACCA TGCAGCTCTG ATGAGAAGAG GACCCCTAA1620
TATTGTCAGA GGAGCCACCA CTGCACCCAT CACACCAGAA TGTAAGCAACC AAGCAAGATG1680
30 CTTTGGGCCT GGGCTCTGGT CATATGGTAT TGATCGTACC AGCATTCAG CTCCAACCAT1740
GGCTGCAAAG GTCACACCAA TTGTACCCCA AGAGCCTCTC ATCATGAAGT TCATGAGAAC1800
AGGCGTTCTG CTGATTGCTA TGGCAGACAA AGCTGTTAAA CCAATACTCC CTGCTAAGTA1860
CATATAGGTG GAATGAATTC TATCCTTGAC ATACTGAGGC CAAATTACAG CCTTTTCAAT1920
AGCTCCAATC TCATTAGACA GTCCCAAGCC ATAGTAGCAC AATGCTCCAA GACCAACAGC1980
35 AGCCCTCCA GCAACAAACC ATCTTCCCAT CTGATCAATT TTAAATATTT TTTCCATCGA2040
TGGTTCCAAT GCTGCCTCTT TGAGTTCTTG GCCAGTTCTC CCACGCCGGA TCCCAATTCT2100
TGTTTTGGTG GCATATTCCC TGCTAGGTGT TAACAGCCAT TGATTCTTCG TGATGGAATT2160
CTTCACAACA GGGGAGGCCT TGGTGAAAGC TGGGTGAAA ACCCTAGAAG GTAGTGTCCG2220
GAGACACACC AGCCTTGACAG CCAACATGGT GGTGGTGCAC CAGGTCTACC GAGCAGATCT2280
40 GAAATGCTCG GTCCCCGGTC ACCTTCGCCT CGCAGTTTCC CTTCCGGGCC CCTAGCGTCG2340
GCCTCAAAGA GCACAGTTCC TCCGGCGCAC TGCATGTCGC AAC 2383

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 220:

## 45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3210 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 220:

```

GCAAGGCCTA CTGTCGGCTG GGAGGGGAGG TGTAGCCGGT CTTTGGGGGT AGGCGGTAGT 60
GGCGGAAGAG GTTCGGCGGC TGATGGCGGA TCAGGATCGG AAGCCTGCGT AACTTTCTCC 120
15 CTTGATCCGG GAGTCTTTCC ACTGGATTCA CAATGACATC CTTTCAAGAA GTCCCATTGC 180
AGACTTCCAA CTTTGCCCAT GTCATCTTTC AAAATGTGGC CAAGAGTTAC CTTCTAATG 240
CACACCTGGA ATGTCATTAC ACCTTAACTC CATATATTCA TCCACATCCA AAAGATTGGG 300
TTGGTATATT CAAGGTTGGA TGGAGTACTG CTCGTGATTA TTACACGTTT TTATGGTCCC 360
CTATGCCTGA ACATTATGTG GAAGGATCAA CAGTCAATTG TGTACTAGCA TTCCAAGGAT 420
20 ATTACCTTCC AAATGATGAT GGAGAATTTT ATCAGTTCTG TTACGTTACC CATAAGGGTG 480
AAATTCGTGG AGCAAGTACA CCTTCCAGT TTCGAGCTTC TTCTCCAGTT GAAGAGCTGC 540
TTACTATGGA AGATGAAGGA AATTCTGACA TGTTAGTGGT GACCACAAAA GCAGGCCTTC 600
TTGAGTTGAA AATTGAGAAA ACCATGAAAG AAAAGAAGA ACTGTTAAAG TTAATTGCCG 660
TTCTGGAAAA AGAAACAGCA CAACTTCGAG AACAAGTTGG GAGAATGGAA AGAGAACTTA 720
25 ACCATGAGAA AGAAAGATGT GACCAACTGC AAGCAGAACA AAAGGGTCTT ACTGAAGTAA 780
CACAAAGCTT AAAAAATGGAA AATGAAGAGT TTAAGAAGAG GTTCAGTGAT GCTACATCCA 840
AAGCCCATCA GCTTGAGGAA GATATTGTGT CAGTAACACA TAAAGCAATT GAAAAAGAAA 900
CGAATTAGA CAGTTTAAAG GACAACTCA AGAAGGCACA ACATGAAAGA GAACAACTTG 960
AATGTCAGTT GAAGACAGAG AAGGATGAAA AGGAACTTTA TAAGGTACAT TTGAAGAATA1020
30 CAGAAATAGA AAATACCAAG CTTATGTCAG AGGTCCAGAC TTTAAAAAAT TTAGATGGGA1080
ACAAAGAAAG CGTGATTACT CATTTCAAAG AAGAGATTGG CAGGCTGCAG TTATGTTTGG1140
CTGAAAAGGA AAATCTGCAA AGAACTTTCC TGCTTACAAC CTCAAGTAAA GAAGATACTT1200
GTTTTTTTAA GGAGCAACTT CGTAAAGCAG AGGAACAGGT TCAGGCAACT CGGCAAGAAG1260
TTGTCTTTCT GGCTAAAGAA CTCAGTGATG CTGTCAACGT ACGAGACAGA ACGATGGCAG1320
35 ACCTGCATAC TGCACGCTTG GAAAACGAGA AAGTGAAAAA GCAGTTAGCT GATGCAGTGG1380
CAGAACTTAA ACTAAATGCT ATGAAAAAAG ATCAGGACAA GACTGATACA CTGGAACACG1440
AACTAAGAAG AGAAGTTGAA GATCTGAAAC TCCGTCTTCA GATGGCTGCA GACCATTATA1500
AAGAAAAATT TAAGGAATGC CAAAGGCTCC AAAACAAAT AAACAACTT TCAGATCAAT1560
CAGCTAATAA TAATAATGTC TTCACAAAGT AAACGGGGAA TCAGCAGAAA GTGAATGATG1620
40 CTTCAAGTAA CACAGACCCA GCCACTTCTG CCTCTACTGT AGATGTAAAG CCATCACCTT1680
CTGCAGCAGA GGCAGATTTT GACATAGTAA CAAAGGGGCA AGTCTGTGAA ATGACCAAAG1740
AAATTGCTGA CAAAACAGAA AAGTATAATA AATGTAAACA ACTCTTGCA GATGAGAAAG1800
CAAAATGCAA TAAATATGCT GATGAACTTG CAAAATGGA GCTGAAATGG AAAGAACAAG1860
TGAAAATTGC TGAAAATGTA AACTTTGAAC TAGCTGAAGT ACAGGACAAT TATAAAGAAC1920
45 TTAAAAGGAG TCTAGAAAAT CCAGCAGAAA GGAAAATGGA AGATGGAGCA GATGGTGCTT1980
TTTACCCAGA TGAAATACAA AGGCCACCTG TCAGAGTCCC CTCTTGGGGA CTGGAAGACA2040
ATGTTGTCTG CAGCCAGCCT GCTCGAACT TTAGTCGGCC TGATGGCTTA GAGGACTCTG2100
AGGATAGCAA AGAAGATGAG AATGTGCCTA CTGCTCCTGA TCCTCCAAGT CAACATTTAC2160
GTGGGCATGG GACAGGCTTT TGCTTTGATT CCAGCTTTGA TGTTCAACAAG AAGTGTCCCC2220
50 TCTGTGAGTT AATGTTTCCT CTTAACTATG ATCAGAGCAA ATTTGAAGAA CATGTTGAAA2280
GTCAGTGGAA GGTGTGCCCG ATGTGCAGCG AGCAGTTCCC TCCTGACTAT GACCAGCAGG2340
TGTTTGAAAG GCATGTGCAG ACCCATTTTG ATCAGAATGT TCTAAATTTT GACTAGTTAC2400
TTTTTATTAT GAGTTAATAT AGTTTAGCAG TAAAAA AAAA AAAAAC CACACCTAAA2460
ATAGACCACT GAGGAGACCA TAGAGCGGAT GCTTTCATGC ACCCTTTACT GCACTTTCTG2520
55 ACCAGGAGCT ACTTTGAGTT TGGTGTACT AGGATCAGGG TCAGTCTTTG GCTTATCAAT2580
AAATTTTAAT CTCTGTTAAT CTTACCTGCT TAAAAA GTTCTTGTGT GTTCGTATCT2640
```

TTATTTATTC CCTAGTTTGC AGAACTGTCT GAATAAAGGA TACAAGGATT ATTTCAATGT2700  
TACTGCACTG AAAAACGTGT ATGTATTAGT GTGCTAGATT ATTTAGCAGA ATATTCACAA2760  
GTTTCTGTTG ACCTTGTTGA TTGAGCATGA CTAATAAATA TTATGTAATA AAAAGCATTT2820  
GTCATAACAG TCTTATGAAG TAGTCTTCG AATATAGAAA GTTCTATAAT TTAGCCCATG2880  
5 AAATGATAGG TTTTAAATTT TCAGAAATGG AGCTGCATGT AGAATGAGAT CACATGCTTT2940  
TATATGTGAA ATATTGGTTT TAGCAATTAA CAGAAGGCAT ACTTTGCTAA TTTTATGGCA3000  
AAATTTTAGA ATAACCTGAA TGATTATTTT TAACTATCT TGAAGTTGTA TGTATATATC3060  
CTAATGGGGA AATGGGGCAA GGGATTGTCA GTATAATTGT TTTCCCGATT AAATGGTCCC3120  
CATAACCAGG GGGTGTGTTG GGCATAAAAA TCCATAGGGT ATATAGCAGG ACCTTTTTTG3180  
10 CATTTCCCTG TGGGGATTTA ATTTGGAATT 3210

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 221:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
15 (A) LÄNGE: 1030 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 220:

CCGCTTTCTC CGCCAGCTG GAATTTTGA AGCGAGAAAA TCGACTCGCT CGGTGTTTCGC 60  
CCGCCGACGC CGCACGGTTG CTGGGGCTGG GCTCTTCCTC GCGGAAGTGG GGAGGAGGCG 120  
GTTGCGGTTA GTGGACCGGG ACCGGTAGGG GTGCTGTTGC CATCATGGCT GACCCCGACC 180  
40 CCCGGTACCC TCGCTCCTCG ATCGAGGACG ACTTCAACTA TGGCAGCAGC GTGGCCTCCG 240  
CCACCGTGCA CATCCGAATG GCCTTCTGA GAAAAGTCTA CAGCATTCCT TCTCTGCAGG 300  
TTCTCTTAAC TACAGTGAAT TCAACAGTTT TTTTATACTT TGAGTCTGTA CGGACATTTG 360  
TACATGAGAG TCCTGCCTTA ATTTTGCTGT TTGCCCTCGG ATCTCTGGGT TTGATTTTGG 420  
CGTTGACTTT AAACAGACAT AAGTATCCCC TTAACCTGTA CCTACTTTTT GGATTACGC 480  
45 TGTTGGAAGC TCTGACTGTG GCAGTTGTTG TTACTTTCTA TGATGTATAT ATTATTCTGC 540  
AAGCTTTCAT ACTGACTACT ACAGTATTTT TTGGTTTGAC TGTGTATACT CTACAATCTA 600  
AGAAGGATTT CAGCAAATTT GGAGCAGGGC TGTTTGCTCT TTTGTGGATA TTGTGCCTGT 660  
CAGGATTCTT GAAGTTTTTT TTTTATAGTG AGATAATGGA GTTGGTCTTA GCCGCTGCAG 720  
GAGCCCTTCT TTTCTGTGGA TTCATCATCT ATGACACACA CTCACTGATG CATAAACTGT 780  
50 CACCTGAAGA GTACGTATTA GCTGCCATCA GCCTCTACTT GGATATCATC AATCTATTCC 840  
TGCACCTGTT ACGGTTTCTG GAAGCAGTTA ATAAAAAGTA ATTAAAAAGTA TCTCAGCTCA 900  
ACTGAAGAAC AACAAAAAAA ATTTAACGAG AAAAAAGGAT TAAAGTAATT GGAAGCAGTA 960  
TATAGAACT GTTTCATTAA GTAATAAAGT TTGAAACAAT GATTAAAAAA AAAAAAAAAA1020

AAAAAGTTTT

1030

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 222:

## 5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE:1216 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 222:

TCTGTTCTGT	GGACAACTGT	TACTGTTCTT	CCGTGGCCAA	CCATGGCGGC	CACCAGCCCT	60
ACCCCGCTC	CGGCCACTTT	CCCTGGACAG	TGCCCTCGCA	GGAGTACTCA	CACCCGCTCC	120
CGCCACACC	CTCCGTCCCC	CAGTCCCTTC	CCAGCCTGGC	GGTCAGAGAC	TGGCTTGACG	180
CCTCCAGCA	GCCCGGCCAC	CAGGATTTCT	ACAGGCTGTA	TGGGCAGCCG	TCCACCAAAAC	240
ACTACGTGAC	GAGCTAACGC	CACGCAGGCG	GCGGGGCGCT	GGGGAATCTT	CCTCCCCAGC	300
CCCCGGGCTC	GGGAGTTATG	CATCCAGAGA	CCTGCCCTTC	TACCTTCCTC	GCCTCCCCCTC	360
TTCTCATTC	CATTGCCCCA	GGTCTTTTCC	TTTTGGATTT	TGTTTGGTT	TTGGCTTTGT	420
TTTTGATTTT	TTTTTATTAT	GAATCTCCTG	GACGCAGAGG	TGACAGTGGG	AGCTGGCCTG	480
GGCCAGGACG	GCAGGTGGCC	CTGGAGATGG	GAAAGTGTCT	GTGTCGAGGC	GCTGAGCTCT	540
CTCTCTGTTT	CTCCTTTTTT	CCTCTACTCC	TTCCCTTCA	CACCCCGTG	GCTGGAAGGA	600
ACCTCGGCTT	CCCTGAAAGC	TTGGGGGTCC	CACCCTTCTT	ACCCACCCG	GGAGGAACGC	660
CCAGGGCCCC	GGGCTTGTTT	CTCCTCTTGT	TTTCCTTTTG	GGCAGTTTGA	TCACTGATCG	720
AGTAAGGAAT	GACCTTTAGA	TTGTGCGACT	TTTGTTTTTG	TTTTTTTAAA	TTTTTTTAAA	780
CCAAGAATGA	TTTCTCCTGC	TTCTTCTCCT	TCACCATCTT	CCCAGACGGA	GTTCAAAGGC	840
CACCTTCTCA	GCAGCTTTTG	GCACCTTCAG	CCTCAGAGTG	GAATCTTTTA	AAGACAGGAC	900
CCCTATGTCC	AGGAAAGGGG	AAAAGGAAC	TTGCCAATGA	TAGTGACCAC	AGCAAAAGCA	960
ATAAAATAAT	AAAATAAAAA	ACAATAGCAC	AGCCCTTGTT	GAGGTCAGCA	GGGAGGAGGG	1020
GCTGCCCGGA	GTTGGGTCCT	TGCCTGGATT	TTGACACAGC	AACTTCCTGT	AGTGAGCACT	1080
TTGTATGAAT	CGTGGACTTC	CTGTTCTCAA	GGCGCAGGTA	TTTATTCTGT	ATCTGTCTAG	1140
AGCACACACC	AAAATCCAAC	CTTCTAATAA	ACATGATGGC	GCAGTCCCAA	AAAAAAGAAA	1200
CAGAAGAAGA	AAAGGG					1216

## 50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 223:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE:2369 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 223:

```
CGGGCGCCCCG GGCCAGAGTC CGGCCGGAGC GGAGGAGCCC GGCCCCAGGG ACAGCTCGGC 60
CGTCATTACT CAGATCAGCA AGGAGGAGGC TCGGGGCCCCG CTGCGGGGCA AAGGTGACCA 120
GAAGTCAGCA GCTTCCAGA AGCCCCGAAG CCGGGGCATC CTCCACTCAC TCTTCTGCTG 180
25 TGTCTGCCGG GATGATGGGG AGGCCCTGCC TGCTCACAGC GGGGCGCCCC TGCTTGTGGA 240
GGAGAATGGA GCCATCCCTA AGACCCCACT CCAATACCTG CTCCCTGAGG CCAAGGCCCA 300
GGACTCAGAC AAGATCTGCG TGGTCATCGA CCTGGACGAG ACCCTGGTGC ACAGCTCCTT 360
CAAGCCAGTG AACAAACGCG ACTTCATCAT CCCTGTGGAG ATTGATGGGG TGGTCCACCA 420
GGTCTACGTG TTGAAGCGTC CTCACGTGGA TGAGTTCCCTG CAGCGAATGG GCGAGCTCTT 480
30 TGAATGTGTG CTGTTCACTG CTAGCCTCGC CAAGTACGCA GACCCAGTAG CTGACCTGCT 540
GGACAAATGG GGGGCCTTCC GGGCCCGGCT GTTTCGAGAG TCCTGCGTCT TCCACCGGGG 600
GAACTACGTG AAGGACCTGA GCCGGTTGGG TCGAGACCTG CGGCGGGTGC TCATCCTGGA 660
CAATTCACCT GCCTCCTATG TCTTCCATCC AGACAATGCT GTACCGGTGG CCTCGTGGTT 720
TGACAACATG AGTGACACAG AGCTCCACGA CCTCCTCCCC TTCTTCGAGC AACTCAGCCG 780
35 TGTGGACGAC GTGTACTCAG TGCTCAGGCA GCCACGGCCA GGGAGCTAGT GAGGGTGATG 840
GGGCCAGGAC CTGCCCCCTGA CCAATGATAC CCACACCTCC TCCCAGGAAG ACTGCCCAGG 900
CCTTTGTTAG GAAAACCCAT GGGCCGCCGC CACACTCAGT GCCATGGGGA AGCGGGCGTC 960
TCCCCACCA GCCCACCAG GCGGTGTAGG GGCAGCAGGC TGCCTGAGG ACCGTGAGCT1020
CCAGGCCCCG TGTCAGTGCC TTCAAACCTC CTCCCCATT CTCAGGGGAC CTGGGGGGCC1080
40 CTGCCTGCTG CTCCCTTTTT CTGTCTCTGT CCATGCTGCC ATGTTTCTCT GCTGCCAAAT1140
TGGGCCCCCTT GGCCCCCTTCC GGTTCTGCTT CCTGGGGGCA GGGTTCCTGC CTTGGACCCC1200
CAGTCTGGGA ACGGTGGACA TCAAGTGCCT TGCATAGAGC CCCCTCTTCC CCGCCAGCT1260
TTCCCAGGGG CACAGCTCTA GGCTGGGAGG GGAGAACCAG CCCCTCCCC TGCCCCACCT1320
CCTCCCTTGG GACTGAGAGG GCCCCTACCA ACCTTTGCCT CTGCCTTGGA GGGAGGGGAG1380
45 GTCTGTTACC ACTGGGGAAG GCAGCAGGAG TCTGTCCTT AGGCCCCACA GTGCAGCTTC1440
TCCAGGGCCG ACAGCTGAGG GCTGCTCCCT GCATCATCCA AGCAATGACC TCAGACTTCT1500
GCCTTAACCA GCCCGGGGC TTGGCTCCCC CAGCTCTGAG CGTGGGGGCA TAGGCAGGAC1560
CCCCCTGTG GTGCCATATA AATATGTACA TGTGTATATA GATTTTTAGG GGAAGGAGAG1620
AGGGAAGGGT CAGGGTAGAG ACACCCCTCC CTTGCCCTT TCCTGGGGCC AGAAGTTGGG1680
50 GGGAGGGAGG GAAAGGATTT TTACATTTTT TAACTGCTA TTTTCTGAAT GGAACAAGCT1740
GGGCCAAGGG GCCCAGGCC TGTCCTCTGT CCCTCACACC CCTTTGCTCC GTTCATTTCAT1800
TCAAAAAAAC ATTTCTTGAG CACCTTCTGT GCCCAGCATA TGCTAGGCCC ACCAGCTAAG1860
TGTGTGTGGG GGGTCTCTAC GCCAGCTCAT CAGTGCCTCC TTGCCCATCC TTCACCGGTG1920
CCTTTGGGG ATCTGTAGGA GGTGGGACCT TCTGTGGGGT TTGGGGATCT CCAGGAAGCC1980
```

CGACCAAGCT GTCCCCTTCC CCTGTGCCAA CCCATCTCCT ACAGCCCCCT GCCTGATCCC2040  
CTGCTGGCTG GGGGCAGCTC CCAGGATATC CTGCCTTCCA ACTGTTTCTG AAGCCCCCTCC2100  
TCCTAACATG GCGATTCCGG AGGTCAAGGC CTTGGGCTCT CCCCAGGGTC TAACGGTTAA2160  
GGGGACCCAC ATACCAGTGC CAAGGGGGAT GTCAAGTGGT GATGTCGTTG TGCTCCCCTC2220  
5 CCCCAGAGCG GGTGGGCGGG GGGTGAATAT GGTGCGCCTG CATCAGGTGG CCTTCCCATT2280  
TAAGTGCCTT CTCTGTGACT GAGAGCCCTA GTGTGATGAG AACTAAAGAG AAAGCCAGAC2340  
CCCTAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA 2369

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 224:

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE:849 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

25

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 224:

CGAAACGTGC GCAGGCGCCG GCCGCTGCGC TGCAGATGGC GGAAATGGAT CCGGTAGCCG 60  
35 AGTTCCCCCA GCCTCCCGGT GCTGCGCGCT GGGCTGAGGC CCTTCTGCGA TGTTTTACCT 120  
GGCTGCGGCT GTGTCAGATT TCTATGTTCC TGTCTCTGAA ATGCCTGAAC ACAAGATCCA 180  
GTCATCTGGG GGCCCACTGC AGATAACAAT GAAGATGGTG CCAAAACTGC TTTCTCCTTT 240  
GGTTAAAGAT TGGGCTCCCA AAGCATTAT AATTTCCTTT AAGTTGGAGA CTGACCCCGC 300  
CATTGTAATT AATCGAGCTC GGAAGGCTTT GGAAATTTAT CAGCATCAAG TGGTGGTGGC 360  
40 TAATATCCTT GAGTCACGAC AGTCCTTTGT GTTTATTGTA ACCAAAGACT CGGAAACCAA 420  
GTTATTGCTA TCAGAGGAAG AAATAGAAAA AGGCGTAGAG ATAGAAGAGA AGATAGTGGA 480  
TAATCTTCAG TCTCGACACA CAGCTTTTAT AGGTGACAGA AACTGAAGTA AAAAGCCCTT 540  
ATAGGATCAA AAATTGTTCA GGGCTCTTAG AGATGGTGAA AACTACAAAA AAAACCATGG 600  
CTTTCATATG GACAGATAAA ATGAAAAGAGA GGGAAAAGGC AGTGGTGTGT AGGCAAATAT 660  
45 GGTTTGGCAT TTGTCTTTTA ATGACACCTG ATATGATGTC ATTTTGATTT TGAAATTGAA 720  
CACTAGAACT GTTAATCACC TTTAAAAAGG AAGAGCTTAT TGGGGATTAT ATATTCCTTA 780  
AAAATATACA TGGGGGCCTG AATGTCAGCC ATCTGTATAC TGTGGGGAAA AGGGGTTTGG 840  
GTGCAATTC 849

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 225:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE:1502 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 225:

```
CCTTACCGGC AGGGCTGCCC AGGAGCTGCA GGACAAGCAC CAGGAGCCCC TCCGGGTAGC 60
TACTACCCTG GACTCCCCTC TGGAAGTCCA GGAGGACCAT ATGGCGGTGC AGCTCCCGGG 120
GGCCCCATATG GTCAGCCACC TCCAAGTTCC TACGGTGCCC AGCAGCCTGG GCTTTATGGA 180
25 CAGGGTGGCG CCCCTCCCAA TGTGGATCCT GAGGCCTACT CCTGGTTCCA GTCGGTGGAC 240
TCAGATCACA GTGGCTATAT CTCCATGAAG GAGCTAAAGC AGGCCCTGGT CAACTGCAAT 300
TGGTCTTCAT TCAATGATGA GACCTGCCTC ATGATGATAA ACATGTTTGA CAAGACCAAG 360
TCAGGCCGCA TCGATGTCTA CGGCTTCTCA GCCCTGTGGA AATTCATCCA GCAGTGAAG 420
AACCTCTTCC AGCAGTATGA CCGGGACCGC TCGGGCTCCA TTAGCTACAC AGAGCTGCAG 480
30 CAAGCTCTGT CCCAAATGGG CTACAACCTG AGCCCCAGT TCACCCAGCT TCTGGTCTCC 540
CGCTACTGCC CACGCTCTGC CAATCCTGCC ATGCAGCTTG ACCGCTTCAT CCAGGTGTGC 600
ACCCAGCTGC AGGTGCTGAC AGAGGCCCTC CGGGAGAAGG ACACAGCTGT ACAAGGCAAC 660
ATCCGGCTCA GCTTCGAGGA CTTTCGTCACC ATGACAGCTT CTCGGATGCT ATGACCCAAC 720
CATCTGTGGA GAGTGGAGTG CACCAGGGAC CTTTCCTGGC TTCTTAGAGT GAGAGAAGTA 780
35 TGTGGACATC TCTTCTTTTC CTGTCCCTCT AGAAGAACAT TCTCCCTTGC TTGATGCAAC 840
ACTGTTCCAA AAGAGGGTGG AGAGTCTGCG ATCATAGCCA CCAAATAGTG AGGACCGGGG 900
CTGAGGCCAC ACAGATAGGG GCCTGATGGA GGAGAGGATA GAAGTTGAAT GTCCTGATGG 960
CCATGAGCAG TTGAGTGGCA CAGCCTGGCA CCAGGAGCAG GTCCTTGTA TGGAGTTAGT1020
GTCCAGTCAG CTGAGCTCCA CCCTGATGCC AGTGGTGAGT GTTCATCGGC CTGTTACCGT1080
40 TAGTACCTGT GTTCCCTCAC CAGGCCATCC TGTCAAACGA GCCCATTTTC TCCAAAGTGG1140
AATCTGACCA AGCATGAGAG AGATCTGTCT ATGGGACCAG TGGCTTGGAT TCTGCCACAC1200
CCATAAATCC TTGTGTGTTA ACTTCTAGCT GCCTGGGGCT GGCCCTGCTC AGACAAATCT1260
GCTCCCTGGG CATCTTTGGC CAGGCTTCTG CCCTCTGCAG CTGGGACCCC TCACTTGCT1320
GCCATGCTCT GCTCGGCTTC AGTCTCCAGG AGACAGTGGT CACCTCTCCC TGCCAATACT1380
45 TTTTTTAATT TGCATTTTTT TTCATTTGGG GCCAAAAGTC CAGTGAAATT GTAAGCTTCA1440
ATAAAAGGAT GAAACTCTGG AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA1500
AA
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 226:

50

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 1892 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure

- (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 226:

```
20 CATAATTCGC TTTAGAGTCA TTTTCCAGC AATGTTTAAA TTACTTTCTC ATTCTTTTAG 60
    TGTATTCAAC ATTGCTCGCC TCTTCCTGCA GTTGATGTAA TTGCTTTGTT TGCAATAGCA 120
    CAAGCTGCAT TATTCCAGTC AGGACTGTGA TAACTTGCTG CCAGCCCCAC TCAACTTTCA 180
    GTTGGCTCTG TGTCAGTTTT CCACTCAGTG TTAACACTT GTTACTGCCA TGCTGCTTGC 240
25 CCTCCCTTGA AGTGTCTATA AGCTCATCAC AGCCTAGAGT TAAGTAAAGT CAATTCACAG 300
    AAGCACAATT TTGCCCTTTG CGAGACATTG TTGCCTCTAT CTAGTCCTAC AAGTAGGGTT 360
    TTGCATACTG TGTTTGCCCC TAGGGTTGTC AGTGCATCAG AAATACTTCT AAATAGTGGT 420
    AAAAATGCAC ATGGTTAATG CACATGTTAC TTTTAAATCA TTAGGATATC CCTCACCTGT 480
    TCCTGATGAA TAAAAAGTGT GTTAAAGACC AAAATTCTTG GCATAATAAT CAGCTACATA 540
30 CAAATCACAT ATAGTTTAAAT CTTTTTTAAAT GGAAAAAATA TCATGTTTAA AATGGCAAAA 600
    GCCCATCTTA TACACTTTTA TATAGCTGCA AAAAATTTAT ATCTGTACAG ATCTAACACT 660
    ACGACACTCA GTATTCATTT TATTGAAGCA TGCAAGTAAA GCACTTTTTT TAATTTATAT 720
    AGAGGTATCT AATTAACACA GCACATTGTA CTAATGACTA GGAGTAGCAG CTTTTTCTTC 780
    TCTCCCTCTA TGAATTCCTA TAATGTCCCT TTTTCTGTAA GTTTTTGAGA GGCAATTGGC 840
35 AATTTAGGAG GCAGCAGGGT CTGTTTGGT CAAATCTTGA ATTTCTGTTG TGCCTCTAG 900
    TGACTGATCT TTGGGAATGT CTTGTCTTTG CATGGGGCTC ATAGAGATGT GTGCAGACTT 960
    GCTTATTGTG GTTAGTGTGT ATCAGGAACA CACACACAGG TGTTCTGACC AGCTCAGGCT1020
    TGCCACAGTG AGCAACTCTG TGGCTAGCAA AAGAGAAGTT TATTTGTGCC CAGCCATTGG1080
    TCACCTTGGG TGATGCACCA GATAGCAGGC AGATGTTGGT TCATTGGCCT TCGTCCTCTT1140
40 TCCTCCTAAA ATAATATTGG CTTTACCATC TTAATCAGC TGTGGGTTTT TTGTGGGTTC1200
    TTGTTTGTTC TTTGGCATGA ATTGTCATCT TTGGTGTTC TTTAACCCCC AGCCCCTCAA1260
    AAAAATAAGG CCTCCAGGTA TCAAGATCTC ATATTAGGAT TTTCTGTCCT TAATTTTTTG1320
    AGCAAAATCT GGAAATGTG AAAGCATATT TAGATTTTAT ATACTATCTG AAATGTGATT1380
    TGTTAAGATT CTTAAATTTG GGCTCTTAG AATAATTTTG AATGAGATCT ACCGACTCAC1440
45 TTGTGAGAAT ATTTTTCACA GATTATCTTT GGGCCTTTTC ATTAGAAAGC TGTTTGTGTTG1500
    TCCCCCTGTT GGTACATTTG GTTACCTCAT TTTGCCGTTT CAGATTGTGA AAGCTCACAG1560
    GGGTGTTCCT TGGGAATCAT TGCTGAGTCA TTTTCTCAA TCATATTCCA TTGTATCAGT1620
    TAACATATAG TTTTAAATGT ATGTATTATA AATATCTGTA ACCAAATCAT TTGAAGGCTT1680
    GATAAATTTT TAACAAAGTT TGTACATTTT TTATGAAAGT TACTAGTAAT GCTTTACTAA1740
50 GTAGTGCAAT GAATTTTAT TTTTAATCCC TGTGCCCAAT TTTGGAGTTG AGAGGGTTGT1800
    TGGTAATAAA TGTATGATGT AACTTTAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA1860
    AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AA 1892
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 227:



## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1522 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 227:

```
25  CAGGAGTGCG GACCAGCGGG TGCCTGTAGT GGGTGGAATT GGGGTCTGCA CTTGCCCTC 60
    CGCCCCAGG TGGGAGTCAC CTGGAGCGTG AAGGGACGTG TCTCATCCCC AGTGTGTCGG 120
    ACCCTGGAGA CACAGCCGCA GAGCAGCCCC TTCTCATGCA TGGACCTCAC CTACGTCAGC 180
    CTGCTACTCC AGGAGTTCGG CTTTCCAGG AGCAAAGTGC TGAAGCTCAC TCGGAAAATT 240
    GACAATGTTG AGACCAGCTG GGCTCTGGGG GCCATTTTTC ATTACATCGA CTCCTGAAC 300
30  AGACAGAAGA GTCCAGCCTC ATAGTGGCCG AGCCATCCCT GTCCCCGTCA GCAGTGCTG 360
    TGTGTCTGCA TAAACCTCC TGTCTGGAC GTGACTTCAT CCTGAGGAGC CACAGCACAG 420
    GCCGTGCTGG CACTTCTGAC ACCTGGCTC TGGGACTTGC AGAAGGCCTG GTGCTGCCCT 480
    GGCATCAGCC TCTTCCAGTC ACATCTGGCC AGAGGGCTGT CTGGACCTGG GCCCTGCTCA 540
    ATGCCACCTG TCTGCCTGGG CTCCAAGTGG GCAGGACCAG GACAGAACCA CAGGCACACA 600
35  CTGAGGGGGC AGTGTGGCTC CCTGCCTGTC CCATCCCAT GCCCCGTCCG CGGGGCTGTG 660
    GCTGCTGCTG TGCATGTCCC TGCGATGGGA GTCTTGTCTC CCAGCCTGTC AGTTTCCTCC 720
    CCAGGGCAGA GCTCCCTTTC CTGCNAGAGT CTGGGAGGCG GTGCAGGCTG TCCTGGCTGC 780
    TCTGGGGGAA GCGAGGGACA GCCATAACAC CCCCAGGACA GTAGGTCTGG GCGGCACCAC 840
    TGGGAACTCT GGAATTGAGT GTGTTTGCCT CTTCTTGGG TATGAATGTG TGAGTTCACC 900
40  CAGAGGCCTG CTCTCCTCAC ACATTGTGTG GTTTGGGGTT AATGATGGAG GGAGACACCT 960
    CCTCATAGAC GGCAGGTGCC CACCTTTCAG GGAGTCTCCC AGCATGGGCG GATGCCGGGC1020
    ATGAGCTGCT GTAAACTATT TGTGGCTGTG CTGCTTGTG GACGTCTCTG TCGTGTGGGT1080
    GCCAAGTGCT TGTGTAGAAA CTGTGTTCTG AGCCCCCTTT TCTGGACACC AACTGTGTCC1140
    TGTGAATGTA TCGCTACTGT GAGCTGTTCC CGCCTAGCCA GGGCCATGTC TTAGGTGCAG1200
45  CTGTGCCACG GGTCAGCTGA GCCACAGTCC CAGAACCAAG CTCTCGGTGT CTCGGGCCAC1260
    CATCCGCCCA CCTCGGGCTG ACCCACCTC CTCCATGGAC AGTGTGAGCC CCGGGCCGTG1320
    CATCCTGCTC AGTGTGGCGT CAGTGTGGGG GCTGAGCCCC TTGAGCTGCT TCAGTGAATG1380
    TACAGTGCCC GGCACGAGCT GAACCTCATG TGTTCCAATC CCAATAAAAG GTTGACAGGG1440
    AAAAAAAAAA AAAAAAACT CGAGCGGAAC GAGCTCACTT TCTTCTAGCT GAGCTTTAAA1500
50  ACATTAGAGC TTAAATTTTC AG 1522
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 228:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2016 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 228:

```
25 GAGAAAATGG AGGCCTTTGG GGAAGGGGCA GGGTGGGAGG ATTTCTTCTC CACACAGACC 60
TTAACCTTCC AATCTATTCT GCAGATGAAG AATGCCGACT ACTTCTCCAA CTATGTCACA 120
GAGGACTTTA CCACCTACAT TAACAGGAAG CGGAAAAACA ATTGCCATGG CAACCACATT 180
GAGATGCAGG CCATGGCAGA GATGTACAAC CGTCCTGTGG AGGTGTACCA GTACAGCACA 240
GAACCCATCA ACACATTCCA TGGGATACAT CAAAACGAGG ACGAACCCAT TCGTGTTAGC 300
TACCATCGGA ATATCCACTA TAATTCAGTG GTGAATCCTA ACAAGGCCAC CATTGGTGTG 360
30 GGGCTGGGCC TGCCATCATT CAAACCAGGG TTTGCAGAGC AGTCTCTGAT GAAGAATGCC 420
ATAAAAACAT CGGAGGAGTC ATGGATTGAA CAGCAGATGC TAGAAGACAA GAAACGGGCC 480
ACAGACTGGG AGGCCACAAA TGAAGCCATC GAGGAGCAGG TGGCTCGGGA ATCCTACCTG 540
CAGTGGTTGC GGGATCAGGA GAAACAGGCT CGCCAGGTCC GAGGCCCCAG CCAGCCCCGG 600
AAAGCCAGCG CCACATGCAG TTCGGCCACA GCAGCAGCCT CCAGTGGCCT GGAGGAGTGG 660
35 ACTAGCCGGT CCCC GCGGCA GGGAGTTCAG CCTCGTCACC TGAGCACCTT GAGCTGCATG 720
CTGAATTGGG CATGAAGCCC CCTTCCCCAG GCACTGTTTT AGCTCTTGCC AAACCTCCTT 780
CGCCCTGTGC GCCAGGTACA AGCAGTCAGT TCTCGGCAGG GGCCGACCGG GCAACTTCCC 840
CCCTTGTTGC CCTTACCCT GCTTTGGAGT GCCGGGCCCT CATTACAGCAG ATGTCCCCCT 900
CTGCCTTTGG TCTGAATGAC TGGGATGATG ATGAGATCCT AGCTTCGGTG CTGGCAGTGT 960
40 CCCAACAGGA ATACCTAGAC AGTATGAAGA AAAACAAAGT GCACAGAGAC CCGCCCCCAG 1020
ACAAGAGTTG ATGGAGACCC AGGGATTGGA CACCATCTCC CAACCCAGT ACTCCTGCTC 1080
TCCGGTGCCA CCTCACCTTC TTTGGCTTCT TCCCTCTTGC CTCCTTCTGT TCTTTCTGCT 1140
CTCCCCTCTT TTCCCTCCTC CTCACCTCCC TCTGGCTAGC CCACCCCTGC ACTCTCTCTC 1200
ATTGCCGCTG CCACTATCAC CTGTCTCTCT GCCAGCTGAT GTGCCCTGTT GCCCCCACC 1260
45 CCATCCCGCA CAGAACCATC CCTGCATTCC ACAGGGGACT CGGGCAAGGG TGCCGAAGAT 1320
AGACAAGAGG CACACAGAGA CAGACCAACT GGCAGCCAGG CAGCCCCAGA GGAGAGAGAC 1380
ATTCAGACAG AGGAAAGTCT CCCTGCCCCT CATTCCTTCC AAGATGAGAA AAAGTTGCCG 1440
CCACCCCCCG AACTGATGC CAGGGAGGTG GGAGGAAGAA GTGGGAAATT TCCCTTCCCA 1500
GTACCCCCAA GAACGTCTGA GCCTTCAATG TTGAATTTT TCTTTATTAA AATTACTTTT 1560
50 ATCTTATAAA ATCAACTAAT CAAAAATGAT ATAGACGACA GCACTGGCTC TGTGAAGGTG 1620
GCATCTTTCT GGGCAGGCAG GCCATGGGGC ATGGAGGAGG GTGCAAAGAT ATGGGTTGCT 1680
GTCTTCTGGC CTCCAGCTGC ATGGAGGCCG GCCCAGGGTC TAGGGTGTGC ACTGGGCAAG 1740
GGCAGGGCGG CAGGTGTCAG GCCGGCTTGG ACAATGAAAC CCTGACCTTG CTGCATTCTT 1800
TTTGCTTCCA CCACCACTAG CTTCTTTGGA ATCTTGGGGT GGGGGTCATC TTTGGGGATT 1860
```

ATGGCTGCCA CCCGGGATTT GAGTGTAGGG AGTGTGGGAG CAGCCTTGGC AGAAGGGGCA1920  
CCCGTGCCCT GCAGGTGTTG ACAAGATCCG CCATCTGTAA TGTCCTTGGC ACAATAAAAC1980  
CAAATGTCAG TTTCAAAAAA AAAAAAAAAA AAAGAC 2016

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 229:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 765 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

10 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

25

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 229:

30 CCGGATTCCG CCCCGCCCGC TGCATCCGG TTCCGCTCCC CACAACCCGC TCTGTGGCGG 60  
GGCTTCCGGT CGGGAGGGTC CGCCAGCTCT CGCGTCCTTT GCTGGGTCCA GACACCGGTT 120  
CCGTTGCAA CATTTTTAAA GGGCTGGTTA TTCTTCCTGA AATGAGTTTG GTGATTAGAA 180  
ATCTGCAGCG AGTCATCCCC ATCAGGAGAG CGCCACTTCG CAGTAAGATC GAGATTGTAA 240  
GGAGGATTTT AGGAGTGCAG AAATTTGACC TGGGGATCAT CTGTGTTGAC AACAAGAATA 300  
35 TTCAGCACAT TAATAGAATC TACAGAGATA GAAATGTCCC AACCGATGTG CTTTCTTTTC 360  
CATTTTCATGA GCATCTGAAA GCAGGTGAAT TTCCCCAGCC TGATTTTCCA GATGACTACA 420  
ATTTGGGAGA CATTTCCTA GGAGTGGAGT ATATCTTCCA TCAGTGTAAG GAAAATGAAG 480  
ATTACAATGA CGTCCTGACT GTGACGGCCA CCCACGGACT CTGTCACTTG CTGGGATTCA 540  
CACACGGCAC GGAGGCAGAG TGGCAGCAGA TGTTCCAGAA GGAGAAGGCG GTGCTGGACG 600  
40 AGCTGGGCCG ACGCACGGGG ACCCGGCTGC AAGCCCTGAC CCGGGGCCCTC TTCGGAGGGA 660  
GCTGAGGGCC GCGTTCCTTC TGAAAGCGGG ACGCGGGAGG GGTGGAGGCT GCGGGGAGCC 720  
GGGGTGCAC ACAATAAAT AACGAATGAA CGTAAAAAAA AAAAA 765

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 230:

45

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1611 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

50

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 230:

```
CTGCTTGCGC CGACGCTCTA GCGGTTACCG CTGCGGGCTG GCTGGACCGT AGTGGGGCTG 60
CGCGGCTGCC ACGGAGCTAG AGGGGTAAA AACTAATATT TATATGACAG AAGAAAAAGA 120
20 TGTCATTCCG TAAAGTAAAC ATCATCATCT TGGTCCTGGC TGTTGCTCTC TTCTTACTGG 180
TTTTGCACCA TAACTTCCTC AGCTTGAGCA GTTTGTTAAG GAATGAGGTT ACAGATTCAG 240
GAATTGTAGG GCCTCAACCT ATAGACTTTG TCCCAAATGC TCTCCGACAT GCAGTAGATG 300
GGAGACAAGA GGAGATTCCCT GTGGTCATCG CTGCATCTGA AGACAGGCTT GGGGGGGCCA 360
TTGCAGCTAT AAACAGCATT CAGCACAAACA CTCGCTCCAA TGTGATTTTC TACATTGTTA 420
25 CTCTCAACAA TACAGCAGAC CATCTCCGGT CCTGGCTCAA CAGTGATTCC CTGAAAAGCA 480
TCAGATACAA AATTGTCAAT TTTGACCCTA AACTTTTGA AGGAAAAGTA AAGGAGGATC 540
CTGACCAGGG GGAATCCATG AAACCTTTAA CCTTTGCAAG GTTCTACTTG CCAATTCTGG 600
TTCCCAGCGC AAAGAAGGCC ATATACATGG ATGATGATGT AATTGTGCAA GGTGATATTC 660
TTGCCCTTTA CAATACAGCA CTGAAGCCAG GACATGCAGC TGCATTTTCA GAAGATTGTG 720
30 ATTCAGCCTC TACTAAAGTT GTCATCCGTG GAGCAGGAAA CCAGTACAAT TACATTGGCT 780
ATCTTGACTA TAAAAAGGAA AGAATTCGTA AGCTTTCCAT GAAAGCCAGC ACTTGCTCAT 840
TTAATCCTGG AGTTTTTGTT GCAAACCTGA CCGAATGGAA ACGACAGAAT ATAACCTAAC 900
AACTGGAAAA ATGGATGAAA CTCAATGTAG AAGAGGGACT GTATAGCAGA ACCCTGGCTG 960
GTAGCATCAC AACACCTCCT CTGCTTATCG TATTTTATCA ACAGCACTCT ACCATCGATC 1020
35 CTATGTGGAA TGTCCGCCAC CTGGTTTCCA GTGCTGGAAA ACGATATTCA CCTCAGTTTG 1080
TAAAGGCTGC CAAGTTACTC CATTGGAATG GACATTTGAA GCCATGGGGA AGGACTGCTT 1140
CATATACTGA TGTGTTGGAA AAATGGTATA TTCCAGACCC AACAGGCAAA TTCAACCTAA 1200
TCCGAAGATA TACCGAGATC TCAAACATAA AGTGAACAG AATTGAACT GTAAGCAAGC 1260
ATTTCTCAGG AAGTCCTGGA AGATAGCATG CGTGGGAAGT AACAGTTGCT AGGCTTCAAT 1320
40 GCCTATCGGT AGCAAGCCAT GGAAAAAGAT GTGTCAGCTA GGTAAAGATG ACAAACTGCC 1380
CTGTCTGGCA GTCAGCTTCC CAGACAGACT ATAGACTATA AATATGTCTC CATCTGCCTT 1440
ACCAAGTGTT TTCTTACTAC AATGCTGAAT GACTGGAAAG AAGAACTGAT ATGGCTAGTT 1500
CAGCTAGCTG GTACAGATAA TTCAAACTG CTGTTGGTTT TAATTTTGTA ACCTGTGGCC 1560
TGATCTGTAA ATAAACTTA CATTTTTC AAATAAAAAA AAAAAAAGA T 1611
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 231:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1473 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 231:

```
GGTGTGGTCC TCAGGGGGCT GTAGGGTGGG AGGTATGGCT TCAGGTGCCA AGTTGGCGGG 60
AACGGCAGCG AGGAGGCCTG GGGGGCACTT CGGGCGCCGC AACAGCAGGT ATCCCAATAG 120
20 CTCCAAAACC TATCACGACA GCCATTTGTC TCTTTCCCCT TTCCTTGTC CTTCCTTTTG 180
GGGGTGGGGG AGGAATCAC GGAGCCAAAG GTACTGTGAA GTTCCTAAAC ATGTCTCTTC 240
CACTCTTTGT CTAAACTTTG TAACGTAGAT GCAGCTGACT TTGCCTGTAG CCTCATAGAA 300
CCCATCCCAT GGCTGCAGTG GAAGCTTGCG GTGGCTCTCC AGTGACCAGA GGCATAGTGA 360
GGTCCAGGG AGGCTCCCTC TGTCTTGCAA CAGTTATTTG TGATCTTTTT CTATGTGCCT 420
25 ATTGTCACAA CAGAGTCCGG CAGCGTCTTC TCTTGAGGGA GCAATTTGGA GAAGAGCTGG 480
AACCCAGACT CGCGCCCTGG ATGCCATCCT TTATCATCCA CAGCAATCCC ATCTGGTTGG 540
GAGCACTGCT CTGGGTCTCA CACTGCCCCCT CCTCTATCCT AGGGAGCCTG AGGCCAGGG 600
GTGAAAGAT CCAGTTGCGG GTGGGGGGTA GTGAACCGTG CAGGATAATG AAAGCAACTT 660
GCTTTGGAAA TGACCTACCG CTACCCGTTG TCTGAGACTG AGATTATCTC AGACTGTCTT 720
30 CTGGCTTCTG CCAAAACACT CCCTTAACAG AAAGCACCGA GGGGATGGGG GTAGGGGGGT 780
TGGGGAGAGT GAGGCTTGAG TGTGAAGGAA GTCTCATATA TGCAGAGCTG AAATCTCCCT 840
CTTTGTATGT CCACACTTTT GTCTTGTTCT CTAGACTGAT TCTTGCTATT CCAAATCCTC 900
TTCCACGTTG ACAGCCCTTC AGATATTTCA ACACTCCTCT CAGCATCCTC CACTTCCCCC 960
ATCTCTCCAA GCTGAACCTG GTTCACAGGG TGGGATTGTG TATGTGCATG CAGGAGGTGG1020
35 GGGTGGACAG TGCCCTGGGC TGGAATCCCC CTTAGTTCTA AGTGCCTCCT TGCCCGCAGC1080
TTCGAGAGCT GTGCCAGGA GTGAACAACC AGCCCTACCT CTGTGAGAGT GGTCAGTCT1140
GCGGGGAGAC TGGCTGCTGC ACCTACTACT ATGAGCTCTG GTGGTTCTGG CTGCTCTGGA1200
CTGTCTCAT CCTCTTTAGC TGCTGTTGCG CCTTCCGCCA CCGACGAGCT AAAGTCAAGC1260
TGCAACAACA GCAGCGGCAG GTGGAATCA ACTTGTGGC CTATCATGGG GCATGCCATG1320
40 GGGCTGGTCC TTTCCCTACC GGTTCACTGC TTGACCTTCG CTTCTCAGC ACCTTCAAGC1380
CCCCAGCCTA CGAGGATGTG GTTACCGCC CAGGCACAAC GAGCCCCCCC TTATACTGTG1440
GCCCAAGGC GCCCCTTGAG GTTGTTCAT GTG 1473
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 232:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2503 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 232:

15

GAAACATGCA ACTGAACAGG AAAAACTGA AGAGGGATTA GGCCCTAATG TAAAAGGCAT 60  
TGTCACCATG TTGATGCTGA TGCTATTGAT GATGTTTGCG GTCCACTGTA CCTGGGTCAC 120  
AAGCAATGCC TACTCTAGTC CAAGTGTAGT CCTGGCCTCA TACAATCATG ATGGCACCAG 180  
GAATATCTTA GATGATTTTA GAGAAGCTTA CTTTTGGCTA AGGCAAAATA CAGATGAACA 240  
20 TGCACGAGTA ATGTCTTGGT GGGATTATGG CTATCAGATA GCTGGAATGG CTAATAGAAC 300  
TACGTTGGTG GATAATAACA CCTGGAATAA CAGCCACATA GCACTGGTGG GAAAAGCTAT 360  
GTCTTCTAAT GAAACAGCAG CCTATAAAAT CATGAGGACT CTAGATGTAG ATTATGTTTT 420  
GGTTATTTTT GGAGGGGTTA TTGGCTATTC TGGTGATGAT ATCAACAAAT TTCTCTGGAT 480  
GGTTAGGATA GCTGAAGGAG AACATCCCAA AGACATTCCG GAAAGTGACT ATTTTACCCC 540  
25 ACAGGGAGAA TTCCGTGTAG ACAAAGCAGG ATCCCCTACT TTGTGAAT GCCTTATGTA 600  
TAAATGTCA TACTACAGAT TTGGAGAAAT GCAGCTGGAT TTTCGTACAC CCCCAGGTTT 660  
TGACCGAACA CGTAATGCTG AGATTGGAAA TAAGGACATT AAATTCAAAC ATTTGGAAGA 720  
AGCCTTTACA TCAGAACACT GGCTTGTTAG GATATATAAA GTAAAAGCAC CTGATAACAG 780  
GGAGACATTA GATCACAAAC CTCGAGTCAC CAACATTTTC CCAAAACAGA AGTATTTGTC 840  
30 AAAGAAGACT ACCAAAAGGA AGCGTGGCTA CATTAAAAAT AAGCTGGTTT TTAAGAAAGG 900  
CAAGAAAATA TCTAAGAAGA CTGTTTAAAT GCACTGTTCT GGTTCCTAAC TTGAAGCAGT 960  
TGTCCTTGTC AGAACCGGTC TTTGCCTTTA GCTCATGTCG TGTTTCACAG CAAAGAGGGT1020  
ACAGAACCAT CACTGGTCCA GGTAAATGTA CAAAATTTTC TGGCAATGCC TGATTAAAAA1080  
AATAAAATTG GCTTGTTGAG AACAGCTGTT TTCGATTTCT AATGTGAAGC AAGACAGAGC1140  
35 ACTGCTGTAA ATGTCTAGCA GCAGATTTTT TTTTTATTGG TACATATTAT CCTTCAAATC1200  
TGAGAATTGT GACTAATGCT ACCAAAGAAC CCTCTAATTT GGTCCCTGGC ACATGCATAC1260  
TTGTCAATGT TTTTATTCTT TTACAAGACC TGTCTTTTAT TTGAATTACC CGAATAGCAA1320  
TATGTAAAT ACAAGTGACA AAATGTGATG AGAGCTTCTT GAACCGGTAA ACTAGTACAG1380  
GTCTGAGAAA GACATATTAG AAGAATCATT ATACTTCCTT GAATTATATT TATTTTCATG1440  
40 TTTCTCTAAT GCAAAGAATG TTTCATCAAA TGTATATTTT CTGTTGCTTA CTGTTTGCTC1500  
TGAGAAGAAG CTGCTGTTTC AAAGATGGAC CTCTGAGTAG CTAATTGATT CAAGTAGTTT1560  
TTTTATGTTG ACACATTATT ACTGCTGTTA GCAGTCGTTT TCACCAGGTA CTTACAGAGC1620  
AGATTTTATA CATCATTCAT TCAAGGGCTA AATTTATATT TTTTGGAAAT CATGGCAACT1680  
ACACAGGATG TTGCTTACCA GGACGGAGTT TTGGTATCTT AGTACTGAAG TTAGCACTAT1740  
45 GTTTACATGC AAAAGATTAA GGAAAAAACC CTAAAGTGG ACAGGTATCC AAAGTTCATT1800  
TTCTGTGACT CATCAAAGTG ACAAAGACT TGTAAACAAT TTGCCTGGAC TTTTTCATT1860  
TTACAACAGT TCATCCATTC ACAATGATTT TGTTCTCTGC TCCATATTTT TTAATCCCTT1920  
AAGCATTTGA TGAAACACTC TTTAGTGCTA TATGCATTTT CTTACTTTTG TTAATAATGT1980  
GACAATTGTC AAAAAATGCA CTAAAATGTA AATGGAGATT GAACAAGTTC ACTTTCAGC2040  
50 TTATAGGCAA CTTTATACAG ACTTGAACAT TTTCTCCAGT TGTTTAGTAA AAGTGAAAGA2100  
GAAAGGGTTT TTCCTGCCAC AGGATATAAC TTTTTTTTAT ATAACAAGCA TAACACACCA2160  
CTGCTTTTGG TGGAAAAGTG CAGAATAGTA TGTACCTTTT ATGAAGAAAA ATGTAATTTA2220  
CAATATTGAG TGAGAAATGTT ACTGCTGATT TTCTTTTCCA AGGTGTAGAA TATCTTTGA2280  
TTTATAGAAT TCATTTTGA CCCAGATGAT GGTTCCTTTA CAGAACAATA AAATGGCTGA2340  
55 ACATTTTCAC AAATAGAGTG TAACGAAGTC TGGATTTCTG ATACCTTGTC ATTTGGGGGA2400

TTTTATTTTA CTTTGGTTGCT TTAAAATTCA ATGCAGAGAA GTTGGTTGACT GTAGGGGAAA2460  
TAAAGTTAAT TCAAATTTTG AAAAAAAAAA AAAAAAGTCG ACG 2503

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 233:

5

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1756 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

20 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 233:

30 AAGCAACCTC GTTTATGTCT TATCTTTGCA TTTTCCTGTA TTCAGCTATT TTCTTAAAGG 60  
AAGGCCCAGG TCTGTATTAT CCTACTGCCA CATAGGAAGT AAAATGAGTA CTCACAGCCT 120  
TGCGCCTAAT CACTGAACAC AGCTTTTAGT AATGTTTTAC ACAAGAACAG GATATTGGCA 180  
ACTCAACTGT TAAGCCTTTC TGTGATTATT CTTCTTGAG ATCACTCTGA TGTCACCAGT 240  
GTAATTTGAG CCTGGAGCTT TTGTTACAC TTTAAATAGC AGTCCCAGAA TGATTTCACT 300  
ACAGACTCTC TGGAAAGCCT GGGAGCTGAA TTCCGGAAGA TCCCCACATC GATGAAAGCA 360  
35 AAGCGAAGCA CCAAGCCATC ATCATGTCCA CGTCGCTACG AGTCAGCCCA TCCATCCATG 420  
GCTACCACTT CGACACAGCC TCTCGTAAGA AAGCCGTGGG CAACATCTTT GAAAACACAG 480  
ACCAAGAATC ACTAGAAAGG CTCTTCAGAA ACTCTGGAGA CAAGAAAGCA GAGGAGAGAG 540  
CCAAGATCAT TTTTGCCATA GATCAAGATG TGGAGGAGAA AACGCGTGCC CTGATGGCCT 600  
TGAAGAAGAG GACAAAAGAC AAGCTTTTCC AGTTTCTGAA ACTGCGGAAA TATTCCATCA 660  
40 AAGTTCAGT AAGAGAAGAG GATGGATAAG GACGTTATCC AAGAATGGAC ATTCAAAGAC 720  
CAAGTGAGTT TGTGAGATTC TAACAGATGC AGCATTTTGC TGCTACCTTA CAAGCTTCTC 780  
TTCTGTCAGG ACTCCAGAGG CTGGAAAGGG ACCGGGACTG GAAAGGGACC AGGACTGAAC 840  
AGACTGGTTA CAAAGACTCC AAACAATTTT ATGCCCTGTG CTGTTACAGA GGAGAACAAA 900  
ATGCTTTCAG CAAGGATTTG AAAACTCTTC CGTCCCTGCA GGAAAGGATT GATGCTGATA 960  
45 GAAGAGCCTG GACAGATGTA ATGAGAACTA AAGAAAACAG ATGGCTGGAG ATGACATTTA1020  
TCCAGGGTCA CTTTGTGAGG CCCTAGGACT TAAATCGAAG TTGAACTTTT TTTTTTTTTT1080  
AACCAAATAG ATAGGGGAGG GGAGGAGGGA GAGGGAGGAC AGGGAGAGAA AATACCATGC1140  
ATAAATTGTT TACTGAATTT TTATATCTGA GTGTTCAAAA TATTTCCAAG CCTGAGTATT1200  
GTCTATTGGT ATAGATTTT AGAAATCAAT AATTGATTAT TTATTTGCAC TTATTACAAT1260  
50 GCCTGAAAAA GTGCACCACA TGGATGTTAA GTAGAAATTC AAGAAAGTAA GATGTCTTCA1320  
GCAACTCAGT AAAACCTTAC GCCACCTTTT GGTGTTGAAA AGGTTTTTTT TACATTTCAA1380  
ACAGGTTGCA CAAAAGTTAA AATAATGGGG TCTTTTATAA ATCCAAAGTA CTGTGAAAAC1440  
ATTTTACATA TTTTAAAT CTTCTGACTA ATGCTAAAC GTAATCTAAT TAAATTTTCAT1500

ACAGTTACTG CAGTAAGCAT TAGGAAGTGA ATATGATATA CAAAATAGTT TATAAAGACT1560  
CTATAGTTTC TATAATTTAT TTTACTGGCA AATGTCATGC AACAAATAATA AATTATTGTA1620  
AACTTTGTGA AAAATAGTCT GTGATGCTTG GTCTCAAAGG AAAAAATAAG ATGGTAAATG1680  
TTGATATTTA CAAACTTTTC TAAAGATGTG TCTCTAACAA TAAAAGTTAA TTTTAGAGTA1740  
5 AAAAAACGG CTCGAG 1756

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 234:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 1286 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- 15 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

- 25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 234:

GCCTAGGATC CCTGTGACCC TCAACATGAA GATGGTGATG CCCTCCTGTC AAGGCCTTGA 60  
TTGAGCATGA AATGAAGAAC GGGATCCCTG CCAATCGAAT CGTCCTGGGA GGCTTTTCAC 120  
AGGGCGGGGC CCTGTCCCTC TACACGGCCC TCACCTGCCC CCACCCTCTG GCTGGCATCG 180  
35 TGGCGTTGAG CTGCTGGCTG CCTCTGCACC GGGCCTTCCC CCAGGCAGCT AATGGCAGTG 240  
CCAAGGACCT GGCCATACTC CAGTGCCATG GGGAGCTGGA CCCCATGGTG CCCGTACGGT 300  
TTGGGGCCCT GACGGCTGAG AAGCTCCGGT CTGTTGTCAC ACCTGCCAGG GTCCAGTTCA 360  
AGACATACCC GGGTGTCTAT CACAGCTCCT GTCCTCAGGA GATGGCAGCT GTGAAGGAAT 420  
TTCTTGAGAA GCTGCTGCCT CCTGTCTAAC TAGTCGCTGG CCCAGTGCA GTACCCAGC 480  
40 TCATGGGGGA CTCAGCAAGC AAGCGTGGCA CCATCTTGGA TCTGAGCCGG TCGAGCCCCT 540  
GTCCCCACCC TTCCTGACCT GTCCTTTTCC CACAGGCCCTC TGGGGGCAGG TGGCAAGGCC 600  
TGGCCGGGCC TTCCTTCCTG GCCTTAGCCA CCTGGCTCTG TCTGCAGCAG GGGCAGGCTG 660  
CTTTCTTATC CATTTCCTTG GAGGCGGGCC CCCCTGGCAG CAGTATTGGA GGGGCTACAG 720  
GCAGCTGGAG AAAGGGGGCC AGCCGCTGAC CCACTCACTC AGGACCTCAC TCACTAGCCC 780  
45 CGCTTTGGGC CCCCTCCTGT GACCTCAGGG TTTGGCCCAT GGGGCCCTCC CAGGCCCTG 840  
CCCCAACTGA TTCTGCCAG ATAATCGTGT CTCTGCCTC CACTCAGCTG CTTCTCAGTC 900  
ATGAATGTGG CCATGGCCCC GGGGTCCCCT TGCTGCTGTG GGCTCCCTGT CCCTGGGCAG 960  
GAGTGCTGGT GAGGAGGTGG AGCCTTTTGA GGGGGGCCTT CCCTCAGCTG TTTCCCCACA1020  
CTGGGGGGCT GGGCCCTGCC TCCCCGTTAC CCTCCTTCCC TGCAGGCCTG GAGCCTGTAG1080  
50 GGCTGGACTG AGGTTTCAGGT CTCCCCCAG CTGTCTCACC CCCACTTTGT CCCCACTCTA1140  
GAGCAGGGAG GCAGTGGGGG AGGAGTTGTG TCTCGTCTT TGTCTCCATG TGGTTTTTGG1200  
GTGTTTTTCT TGTTGTGTCC TGGATTCCGA TAAAATTAAA GAAATGCTT CCTCAAAAAA1260  
AAAAAAAAA AAAAAAAGT CGACGC 1286



## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 235:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 1230 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

20

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

- 25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 235:

ATTTCGGCAAC GAGGTGAGAA AATCCCTTTT AAGGCCAAGG AAAGCTGAAT GCTAGCAGCC 60  
AGGCCTGTGG TACTTCCATG AGAAACCATA GCAGACAATG CCCTCCCAAG TACTGAAATC 120  
ACACTGGAAT CCCCTTGTT GGGTTCATT GATTGTTTAA CACAGGATGT GTTGTGTCAT 180  
30 TCTGAAGTTT TTATTTGGGG CAGAAGTCTT TATGGAGATG TAAATGACAG CGTTTCTGGG 240  
TTATGCATAA CTCTCACTG GTCAGAGACA CCGGTGTGTC AAGCATGGAT ATTGCATTGC 300  
AAGACTTGAA TCTATAAAAA TTAGAATCAC ACAGTCAGTA CTACAAGCAA AACAGAGAAC 360  
CTGAAAGAAG GTGCACAGAC TGTAAGAAAA AACCCAAGT TGTGATATTT CAGTGATTCC 420  
AAAGAACATT CTAGGTTTTT TGTGTTTTT TTTGTTTTT GGGTTTTTT TTTTACTGCA 480  
35 GAAAATTGGT GGTATTTTCA CATTCTATAGT GTTCTATCC AATTTCAGTA CCCACATTTA 540  
ATGAGGAAAA AATGTTTTAC CAATGAAGGA GGAATTCTTA AATTAGCTGT AATGTTAGGT 600  
TGGAGAAAAT TTGGTATTTA GGGTATTTTC AAGGTACCAT CAAATCAGAT TTCTGTTTTT 660  
TTGTTAAAAA AAATTTTTTT AATCAGTATT GTTTTACAA GTAATATACT TTGAAACTCT 720  
TGAACATAA GTCTCAAAAA CTCTAGAGGA CAGTCTGAGA ACACGTATTT CTATTGTTCT 780  
40 AAATAAATAC ATGTTTTTGA ATAGTTCAAT CATGAATTAT TGACTATGTC TTCATCAAAA 840  
GTGTTAATCC CTCTCAGGT CTCTGGTGAA GACCTTCAAG AGTTTGTTT TTTCTCCAG 900  
GAAATTGGAA GGTAGAATTG TAAATTCATA GAACTTCTT TATAATGGTG TACCTCAGCA 960  
GCTGCCTTTC AATTTATGCC AAGTCCTTAC AGAGTTTATA CTTGAATAGT AAATATGTCT 1020  
TCTGAGTTTT ACAGTGTCTT AAACCTCAATG CACATTTTTT TTTCTTCTTT TTCCACCCCT 1080  
45 TCTTGTGTTG AGTTCATTAT ACCTGTCCTA TTACAGAACT GATTTCCTTC CTGGCTGTAC 1140  
ATGTTGGGGT GCTGGATTTT TTTCCGTGTC TTAGTCTTC GGATACATGT TCTCTCTTT 1200  
AGCTTGTGGT GAATACAGTA ATTTGCATTG 1230

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 236:

50

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2328 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 236:

TGAGAGTTTA GTTGTAGCAG AGGGGCCACA GACAGAAGCT GTGGTGGTTT TTACTTTGTG 60  
CAAAAAGGCA GTGAGTTTCG TGAAGCCTGG AAGTTGGCCA TGTGTCTTAA GAGTGGCTGG 120  
ACTTTGACAT GTGGCTGTTT GAATAAGAGA AGGACAAAGG GAGGAGAAAG CACATGTGCT 180  
25 CCAGTGAGTC TTCGTCACCTC TGTCTGCCAA GCAATTGATA TATAACCGTG ATTGTGTCTC 240  
TGCTTTTCTT CTGAAATGTA GATAACTGCT TTTTGACAAA GAGAGCCTTC CCTCTCCCC 300  
ACCCCTGTGT TCTTGGGTAG GAATGGGAAA AGGGGCAACC TACAAAGATT GTTGGGGCAA 360  
GGGAAGTCAC AAGCTTTCGG ATGGGCGGTG GCTTTTCACA AAACATTTAG CTCATCTTAT 420  
TCTCTCTTTG TCCTCTCTCC CCTCTGCCC GCCCGCACCC TGAATTGCC ACTCAGTTCC 480  
30 TCTGGGTGTG CACATATGTT TGGAGAAATA GAGGAGAGAA AAGAGGGCCA CGTAACTGAG 540  
AGCTTACAGT GCCAATGCCG TTTGTGTTCT GGCCAGAGTG GAGTGCAGCAG CCTGACTCCC 600  
AGGCGCTGAG ATTGTTGCCT GGTTACCCAG GAAGCTGCTG TTCCGGCTGC CCAGCCTTTC 660  
TCTGAGCCAG CGGATGCACA GTCCGTGGCC TTCTTCAGGC TTATTGATGA TGCTTTTTCG 720  
AAATGTTGAA TCATGGTTCT GTTCTAAGT TGGATCTTTT TTGTTTTCTC CTTGCCACCC 780  
35 TAATTTGACA TCAAAATTCT CTCCTGTGCA TTGGGCCCTG GGTCATTCAA ACCCAGGTCA 840  
CCTCATTCCC CTTCTCTGTT CACACCTAAT GTCTTGAAGA GTAGGTAGCA GCAGTGTGGG 900  
CTGAACCTAG GCCAGCTTGC TTAGCGGGTC ACCCTGCTGT GAAGTCCTGG CAGGTGTTGG 960  
TAATGTGTGG AAATGCAGTC AGCAAGTTTG CTGGGGAGTT TGATAAAAGT ATAAAACAAA1020  
ACAAAAAAG CCTCGGTATA ATTTTGTTC ACGACTTCTT CTGTAGCTTT ACACCAGAAG1080  
40 GAAGGAATGG GCTACAGCAG GTAGTGAGG AAGAGGGGGG TGAGCAGGTG TATTTAAATA1140  
GCTTACGGGT AAGGCCTAAA AGGTCACCCC TCGGCCCCCT CTCCAAAAGA AGGGCATGGG1200  
CACCCCAGG AGAGGATGGC CCCAAAAACC TTATTTTAT ACATGAGAGT AAATAAACAT1260  
ATTTTTTT CAAAAATAAC TTCTGAATTT ATCAGTGTTT TGCCGTTAAA AATATTCTCT1320  
TATAGTAAAT TATTTATTGG AAGATGACTT TTTTAAAGCT GCCGTTTGCC TTGGCTTGGT1380  
45 TTCAATACCT GATTTATTTT TCTATGCCAG GCAGTAGAGT CTCTCTGCCT CTGAGGAGCA1440  
GGCTACCCGC ATCCCACTCA GCCCTCCCT ACCCTCAAG ATTTGATGAA AATTCCAACC1500  
ATGAGGATGG GTGCATCGGG GAAGGGTGAG AAGGAGAGCC TGCCTGCTCA GGGATCCAGG1560  
CTCGTAGAGT CACTCCCTGC CCGTCTCCA GAGATGCTTC ACCAGCACCT GCCTCTGAGA1620  
CCTCGTCTC TGTTCCAGCA ACCCTGTTG GGGGGTCAGA CTTGATACAC TTTCAGGTTG1680  
50 GGAGTGGACC CACCCAGGG CCTGCTGAGG ACAGAGCAGC CAGGCCGTCC TGGCTCACTT1740  
TGCAGTTGGC ACTGGGTTGG GGAGGAAGAG AGCTGATGAG TGTGGCTTCC CTGAGCTGGG1800  
GTTCCCTGC TTGTCCAGTT GTGAGCTGTC CTCGGTGTTA CCGAGGCTGT GCCTAGAGAG1860  
TGGAGATTTT TGATGAAAGG TGTGCTCGCT CTCTGCGTTC TATCTTCTCT CTCTCCTTG1920  
TTCTTGCAAA CCACAAGATA AAGGTAGTGG TGTGTCTCGA CCCCATCAGC CTCTCACCCA1980

CTCCAGACA CACACAAGTC CTCAAAAGTT TCAGCTCCGT GTGTGAGATG TGCAGGTTTT2040  
 TTCTAGGGGG TAGGGGGAGA CTAAAATCGA ATATAACTTA AAATGAAAGT ATACTTTTTTA2100  
 TAATTTTTCT TTTTAAACT TGGTGAAATT ATTTAGATA CATATTTTAG TGTCAAGGCA2160  
 GATTAGTTAT TTAGCCACCA AAAAAAGTA TTGTGTACAA TTTGGGGCCT CAAATTTGAC2220  
 5 TCTGCCTCAA AAAAAAGAAA TATATCCTAT GCAGAGTTAC AGTCACAAAG TTGTGTATTT2280  
 TATGTTACAA TAAAGCCTTC CTCTGAAGGG AAAAAAAAAA AAAAAAAA 2328

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 237:

10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1767 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 237:

TGTGACATTG TCCTGAGGTT CATCCGCCTA AATTATTATT AGCCATCCCT TACCAAATAT 60  
 TTCAAACCAG GCAAATGACT TCTGGAAGAG AGAGAAAGGA AGGGGAGAGG GAGGGAGAAT 120  
 35 ATGAGTAAGC AAGCAGGGTC ATATGGTTAA ACATGGAATT TTTTAAAGGA GTTATTACAA 180  
 GTGGGAGTCA AATAGAAGTC TGGTAGAATG CTTTGGGTAC AGGAATATGT TATGCAATAA 240  
 AGTGAGGAAG AGAAAAAGGG AATAAGAAGG GAGGAATGTA ACTAGAGCAG CTCCCAACAG 300  
 TTTGCCTATG TATTTGCCAG CACCAAAATT CGTAGAGTAA GCCACTTACA TTTCCACTGC 360  
 TAGTATTAAG GAAAGACAGC AGTGGTGATT CTTATAAAGT GAGTATACAT TTATTCTTAT 420  
 40 TCTGATATGT GAATTTTCTT TTCACCAGTT AATTAACTGG TAATTTGTAA ACAGTGGGAA 480  
 GAAGATTAGA ACAATTATGG AGGTACTGAA TTACACAAGG AGATTAAAAT GAAATGAATC 540  
 AAATAACCA CAAGATAGGT AGATTGATTC ATTTTATTTT AATCTCCTTG TGTAAATCAG 600  
 TACCTCCATA ATTGTTCTAA TCTTCTTCCC ACTGTTTACA AATTACCAGT TAATTAATC 660  
 GTGAAAGAAA AATTCACATA TCAGAATAAA AATAAATGTA TACTCACTTT ATAAAAATCA 720  
 45 CCACTGCTGT CTTTCTTAA TACTAGCAGT GGAAATGTAA GTGGCTTACT CTACAAATTT 780  
 TGGTGCTGGC AAATACATAG GCAAACTGTT GGGAGCTGCT CTAGTTACAT TCCTCCCTTC 840  
 TTATTCCCTT TTTCTCTTCC TCACTTTATT GCATAACATA TTCCTGTACC CAAAGCATT 900  
 TACCACAGTT CTATTTGACT CCCACTTGTA ATAACCTCTT TAAAAAATTC CATGTTTAA 960  
 CATATGACCC TGCTTGCTTA CTCATATTCT CCCTCCCTCT CCCCTTCCTT TCTCTCTCTT 1020  
 50 CCAGAAGTCA TTTGCCTGGT TTGAAATATT TTGTAGGGAT TGCTTATTAT ATTATTTTAG 1080  
 CTGATGAACC TCAGGACAAC GTCTACACAC ACACACATAC ATACACGCAC ACAAATCTCT 1140  
 AGCTGTTGAA GAGTGGGCTT GGAATCAGAC TTCTGTGTCC AGTAAAAAAC TCCTGCACTG 1200  
 AAGTCATTGT GACTTGAGTA GTTACAGACT GATTCCAGTG AACTTGATCT AATTTCTTTT 1260

GATCTAATGA ATGTGTCTGC TTACCTTGTT TCCTTTTAAT TGATAAGCTC CAAGTAGTTG1320  
CTAATTTTTT GACAACTTTA AATGAGTTTC ATTCACCTTCT TTTACTTAAT GTTTTAAGTA1380  
TAGTACCAAT AATTTTCATTA ACCTGTTCTC AAGTGGTTTA GCTACCATTG TGCCATTTTT1440  
AATTTTTATT TAATTTTATT TGCTTGAGCA CACTGATCAA CCACTGAACT GCCTTCTTCC1500  
5 ATTGTCCTGC AATGATATAA GGGTTACATT TTTGTGTATA TGGCTTTCAT AGTTGGGATT1560  
TCAGAGCACT GATACCAGAT ATTTTCAGTT TGTTCTCTGG GGAATTTCA TTTGCATCTA1620  
TGTTTTTAGC TATCTGTGAT AACTTGTTAA ATATTAAAAA GATATTTTGC TTCTATTGGA1680  
ACATTTGTAT ACTCGCAACT ATATTTCTGT AAACAGCTGC AGTCAAAAAT AAAACACTGA1740  
AAGTTTTCAT TTTGCAGTGG AAAAAA 1767

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 238:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2311 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 238:

CATCGCCTTC ACCGGCGGCG GCAACATCGT GGTGGCCACG GCGGACGGCA GCAGCGCGTC 60  
GCCCGTGCAG TTCTACAAGG TGTGCGTGAC GTGAGTGAGC GAGAAGTGCC GTATCGACAC 120  
GGAGATCCTG CCCTCCCTGT TCATGCGCTG CACCACCGAC CTCAACCGCA AGGACAAGTT 180  
CCCCGCCATC ACCCACCTCA AGTTCTCTGG CCGGGACATG TCGGAGCAGG TGCTTTTGTG 240  
40 CGCGTCCAGC CAGACCAGCA GCATCGTGGA GTGCTGGTCC CTGCGCAAGG AGGGACTCCC 300  
CGTGAACAAC ATCTTCCAGC AGATCTCCCC CGTGGTTGGC GACAAACAGC CCACAATTCT 360  
CAAATGGCGG ATCTATCGG CCAACACCGA TCTGGACCGT GTGTCGGCCG TGGCGCTGCC 420  
CAAGCTGCCC ATCTCGCTCA CCAACACCGA CCTCAAGGTG GCCAGCGACA CACAGTTCTA 480  
CCCTGGCCTC GGGCTGGCCC TGGCCTTCCA CGACGGCAGC GTCCACATCG TGCACCGGCT 540  
45 CTCACATGAG ACCATGGCCG TCTTCTACAG CTCCGCGGCC CCGAGGCCTG TGGATGAGCC 600  
GGCCATGAAG CGCCCCGCA CCGCGGGCCC CGCCGTCCAC TTAAAGGCTA TGCAGCTATC 660  
GTGGACGTCA CTGGCCCTGG TGGGGATTGA CAGCCACGGG AAGCTGAGCG TGCTCCGCCT 720  
CTCACCTTCC ATGGGCCACC CGCTGGAGGT GGGGCTGGCG CTGCGGCACC TGCTCTTCCT 780  
GCTGGAGTAC TGCATGGTGA CCGGTACGA CTGGTGGGAC ATCCTGCTGC ACGTGCAGCC 840  
50 CAGTATGGTA CAGAGCCTGG TGGAGAAGCT GCACGAGGAG TACACGCGCC AGACCGCTGC 900  
CCTGCAGCAG GTCCTCTCCA CCCGGATCCT GGCCATGAAG GCCTCGCTCT GCAAGCTGTC 960  
GCCCTGCACG GTGACCCGCG TGTGCGACTA CCACACCAAG CTCTTCCTCA TCGCCATCAG1020  
CTCCACCCTG AAGTCGCTGC TGCGCCCAAC CTTTCTCAAC ACGCCTGACA AGAGCCCCGG1080

5 CGACCGGCTG ACCGAGATCT GCACCAAGAT CACCGACGTC GACATTGACA AGGTCATGAT1140  
 CAACCTCAAG ACGGAGGAAT TTGTGCTGGA CATGAACACA CTGCAGGCGC TGCAGCAGCT1200  
 CTTGCAGTGG GTGGGCGACT TCGTGCTGTA CCTGCTGGCC AGCCTACCCA ACCAGGGTTC1260  
 CCTGCTGAGG CCGGGCCACA GCTTTCTGCG GGACGGCACC TCGCTGGGCA TGCTTCGGGA1320  
 10 ATTGATGGTG GTCATCCGCA TCTGGGGCCT TCTGAAGCCC AGCTGCCTGC CCGTGTATAC1380  
 GGCCACCTCG GATACCCAGG ACAGCATGTC CCTGCTCTTC CGCCTGCTCA CCAAGCTCTG1440  
 GATCTGCTGT CGCGATGAGG GCCCAGCGAG CGAGCCGGAC GAGGCGCTGG TGGATGAATG1500  
 CTGCCTGCTG CCCAGCCAGC TGCTTATCCC CAGCCTGGAC TGGCTGCCAG CCAGCGACGG1560  
 CCTGGTTAGC CGCCTGCAGC CCAAGCAGCC CCTTCGCTCTG CAGTTTGGCC GGGCGCCAC1620  
 15 GCTGCCTGGC AGTGCTGCCA CCCTGCAGCT CGACGGCCTC GCCAGGGCCC CAGGCCAGCC1680  
 CAAGATCGAC CACCTGCGGA GGCTGCACCT TGGCGCTTGC CCCACGGAGG AATGCAAGGC1740  
 CTGCACCAGG TGCGGCTGTG TCACCATGCT CAAGTCGCCC AACAGAACCA CGGCGGTGAA1800  
 GCAGTGGGAG CAGCGCTGGA TCAAGAACTG CCTGTGCGGT GGGCTCTGGT GGCGGGTGCC1860  
 CCTCAGCTAC CCCTGAGCCC AGCTGCCCCCT CAGCTACTCC TCAGCTACCC CTCAGCTGCC1920  
 20 CCTGAGCCCG GCTGCTGCAA GAGCCACCGC TCGCCCTGGA CTCTCCTCGG CGCGGTTAAC1980  
 CTCAGCCCGC CCTGCAGGGC TGTTGAAGGC CGTGGGCGCG ACGCCTGCGT GACCAGCAGA2040  
 GCTTCTGAGG AAGCCCCTGC CTTTGTCCAG CTGGGCCCCG AGTCCACACA CCACTCTCCC2100  
 AGGACCCCCA GATCCCTGGA CCATCTGCAT CCAGAGGACC GTCCGTGACG GCCGGGGGTC2160  
 CAGCGCGACC TTGTGGTGAC CCGGCTCGGG CGTCTCCTCG GTTTCCTTGC CTCACCCGCG2220  
 25 GAGAGCGCTG AACCTGGACA AGCAGCGGCT GGGAAGGACA GGTCCAATAA ACGCCCTCTG2280  
 CGCCCAAGAA AAAAAAAAAA AAAAAAGGG G 2311

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 239:

25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1772 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

40

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 239:

50 TGGGCGCTGT AGTCCGGCCG GAACCTGTTT GCGACCCCGA GTCCCATGAC ACCGCTTCTC 60  
 CTCACACCCC AGTCCGCGAGT GCCCCTCCCC AGCCTCGGCC GGGCCTCCCG GGAGCCGGGC 120  
 GTGGCGTTCC AGCTAGTGAG CCGTTTCTCC CCTGGGCTCG GAGGCGGAAG CTTGAGGGGC 180  
 GCGGGGAGGA GCTTCGCGTG CGGGGTGAAC GCCGCTCTA CGTGCTCGTT CTCTTCGCGA 240  
 CCGCTGCGCG CGAGCCCCGT GTCCCCACGG CGGCAGCAG CGCCGGCGGC GCGGGCTGAA 300  
 CGCGGAGGGG GCGGAGGGAG CCCGCGGCGG CGGCAGCAG TACAGCGAAA TGGCGGAGAC 360

CGTGGCTGAC ACCCGGGCGGC TGATCACCAA GCCGCAGAAC CTGAATGACG CCTACGGACC 420  
CCCCAGCAAC TTCCTCGAGA TCGATGTGAG CAACCCGCAA ACGGTGGGGG TCGGCCGGGG 480  
CCGCTTCACC ACTTACGAAA TCAGGGTCAA GACAAATCTT CCTATTTTCA AGCTGAAAGA 540  
ATCTACTGTT AGAAGAAGAT ACAGTGACTT TGAATGGCTG CGAAGTGAAT TAGAAAGAGA 600  
5 GAGCAAGGTC GTAGTTCCCC CGCTCCCTGG GAAAGCGTTT TTGCGTCAGT TCCTTTTAGA 660  
GGAGATGATG GAATATTTGA TGACAATTTT ATTGAGGAAA GAAAACAAGG GCTGGAGCAG 720  
TTTATAAACA AGGTCGCTGG TCATCCTCTG GCACAGAACG AACGTTGTCT TCACATGTTT 780  
TTACAAGATG AAATAATAGA TAAAAGCTAT ACTCCATCTA AAATAAGACA TGCCTGAAAT 840  
TTGGCAAGAA GGGGCAAAA CGTGACTATT AATGATTGAT AAGCACCAGT GAAGAAGTTC 900  
10 TAACTTTTAG CATGCTGCAC AGAAACTGGT ATAACATGCC TTCAGTATAC TAACACTCAT 960  
ATGCTCAGTT TTGTTTTGTT TTGGCAGTTG ACAAGAAGTT AATTTGCTTT AGTAAAAATC1020  
CCTCATTCCA GCCTTTCTAT ATAAATAGCT CTTTCTTGCT GTTTTAATGT GGTGCACACT1080  
ATAGCCTCAC AAACCTGTTA TTCCAGTGTA ATCTGCAGTG TCGTAACTAA AGTTACTGGC1140  
TTGGTCTTAT TTGCACAGTT TTTGCGTCTT GTTTGCTTCT TGCATCTGAT TAACTAGAAT1200  
15 ATTTCTCTTT CCCCCTTTTA ATTTGTGATG TCACTTGACC CCATTTATGT GTAGGAGCAC1260  
TACACCATTG GTTTCCAATA CTGCACACAT AAGATACATA CTTGTGTGCA GAAAGTATCT1320  
TCCTCCAGGC TTGTAATACC CTTACATGG AAGATTAATG AGGGAAATCT TTATATTCTG1380  
TATAAAAACA AAAGCAAATT TATATACTAA AATCATTGT CTAAAAATTT AAGTTGTTT1440  
CAAATAAAAA TTAAATGCA TTTCTGATAT GCACTGATTG TGTTGCCTCC AGCTTTTTTT1500  
20 GCTCTCTATG AGTGACTACT TAAGTCACTT GTTGAGAGGG ATTATTTACT AATTATATAC1560  
TTCTCATTCC TGTAACCTCA TTCCCTTTAA ACAGTGGTGA TATCAAATAT ACTTCCATCC1620  
ATTGAATGGG GTATTTTTTAA CAACAACAAA AGTGATATAC TAAAAAATGT ATTGCTTAAG1680  
GCTTATTGAA TCATTTTGAA GCACTTTGTG TATTTGAAAA CTGCTTTATA ATCTCATTTA1740  
TTAAAAGGAC TTTCAAAGAT AAAACCAAAA AA 1772

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 240:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2409 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 240:

TCTGTATCTT CCTTGCCCTC AAATACCCTG AGGTGATAAA CTGTTCCAGT TGTAGCCAAC 60  
TACCACTGCG CCCGGCCTTA AATAAAATAT TGTAGTCATT AATGGTGTGT TTGAATTGAA 120  
GAGATACCAG GAGATAGAGG TGAAGTGCAG TACTTTTATT CTTTAAGAAT ATAGTCTTTA 180

GCCAGGTGCA GTGGTGTGTG CCTGTAGTCT CAGCTATTTG AGAGGCTGAG GTGAGAGGAT 240  
 CACTTGAGTT CAGGAGTTCA AGACCAGCCT GGGCAACATA GCAAGTCCCT GGCTCAAAAA 300  
 AAAAAAGTT TCCCATTCAAT ATTAAGTCCA TCTTTTAAAA ATGTCATGAT TACAAAGTGA 360  
 AAAGATTTGG CTTTCTTAGA GGCTCAATCA CAGAGGTGAA AGTGACCTTG GAAATCATAT 420  
 5 ACTCTATCCC CATGTTACAC AGATTAGAAA AACTGAGGTT ATGGCACTGA CTTAGGCACC 480  
 CCCCAGCAAG GCAACCCAGG GACTACAACCT GGCAATCCCA ACTCCTGGGC TAGGGCTTTG 540  
 TCTACCTTTT TTTGCATTGG CCTCTTAAAG AGGCAATGAA TACTAATTCC TGGCATCAGA 600  
 AAAAAAAGG GGCATGAGGT GGGAGGATTC TTTTTCCTCT GATGGGAAAC AGTGAATAAG 660  
 AAAAAATCTCA TCATTGATG GAAGAGGTGA CTTAATAATT TTATTAATGA ATTTGATGTC 720  
 10 CCATGTTTTG TAGTTTTGTT ATCATTGAAC CATTTGGGGCT GGAATCTGCC TAAATAATTT 780  
 TATCTTGGTA GCCAGCAATT ATGTTGGTAT TTTATGTGGG CCTTCCCAGA TTTTCATATT 840  
 AATGAAATGA CTAATAGTCG TACTTAAGAG GTAACCTCTAC TAAAGCAGAA TGAGATCTAA 900  
 TATGTTGTGG AAATAAAGA GTTTGCAGTG GAATGATACT CTCCTCCGT GCTTGTAATA 960  
 TTGAGTTCTA TTCAAGACGG AACTGCTATG ACTGGCCTAT TCAAGGCTTC ATATTTTTAT 1020  
 15 ACAGACTATT TCACAGACCA TAGATTTATT TTTAAAGGGA AAATCTCACA CATAATTAAG 1080  
 CAGTGAAAAA TGTGCTCAAT GCTATGGTGC GTCAGGCCCT CTGTCTACCA GGTTCCTCCC 1140  
 GCTTCTGCA GAGCTGTGGA CCCTGTACGT ACCAAACAGG TGAACCTGGT CCATCTTTCC 1200  
 TTCTTCCTTT TTTTGCACAT TTGCATTTAT ATCTTCCTGT ACTAAAAGAA ACAAATTATT 1260  
 TATAATTGGG GTGACAATAT AAAGGAACAA AAGATGGGGC AATAGTTGCT TCCTAGCTGG 1320  
 20 AGCTGTAAAGT CCATGTTACA GAACTCACT ATTTAAAAAG TTTTAAAGA TTTATGAACC 1380  
 TTGTCCTACA ATTCGCTGAA TACTTATTTG TCTTTTAAAC TCCCCTCGGT GTATGGATCA 1440  
 TCTTCGTCAG AATGCCGTTG TTTCAATTGT AATCAGGGGA AAATGTTAAT CATTTGGAGA 1500  
 CTGTTTTCTT ATTACCAAAT GTACAATCCA TAAGACAACCT GAAAGCAACA ACTGCTGGGT 1560  
 TCACTGACAA AGATTATAAA AATCATCACG TTCAAAGTAG AGTTTTTAGC CAAGGTCAAG 1620  
 25 AACTAACCTG GGGCTGAGTC AGCGTCTCTA CCCACTTAAA TAACAGCGTA AAGATCTTTC 1680  
 ACTAAATTCG TTATGTGGTG TGTCTGGATG TAAACCTATA TATTTCTTTT TGAAACAGAA 1740  
 TCATATCCTG CAGACTCTTG GCACCTCTGC ATAGCTTTGA CCGAATGTTT ACTCTCATCG 1800  
 TAATGGAAGA TTTCTATCTA TGCAGATAAT ACATGTTTTT AAATACTGTT TTCTGTTTAG 1860  
 TCCTCAATCT TCCTAACTCA AATTGGGGAC TGAGGAGAGA GAAAGGTGGT TACCCCTGTT 1920  
 30 ACCGTGCCAT ATTCTTCTTG CTGCTTTTCA ACCCCACGTG ATTGTTGATT GACGGTTCTG 1980  
 CTATAATGTG CGTGCCCTTC AAGTTTCAGA AAACCTTTCC AATCATTTCA CTTCAATCTT 2040  
 AATTGAACCC AAGAGTCAAA GTTATTATTT TCTCCGAACG TGTTTGTGAT CTTCTGTTAT 2100  
 ATTTTGGGGC ATGTTACCTT TATGGTATAT AAGCTGTAGT GCATACTCTT TGTATTGCAA 2160  
 AAAACTGGTC AGTAATTTAT GTACATGTAT TCCACATTTT AGTGTGCTTG AAGTGACAAT 2220  
 35 CCATAGTTTG TAGTAGTTTG TTATTTGTCA ACTTTACCCT GTGTTTTAAG GACATCTAAA 2280  
 CATTCCTTGT CCTATCAAGA TGACAAAAGC AGAATGTAAT TTTTTTTTGG AAGCTTCGTG 2340  
 ATTACCTGTA ACAAGTTCTG TTTTAAAAAC GAATACAAAT AAAGTTAGTA ACTATTTTAA 2400  
 AATCAAAAA 2409

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 241:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2594 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

45 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

55

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 241:

```
10 CGCCCTTTTT TTCTTTATTT TCTTATGTAC TCATCTACTT ATTCTCAAAG TATTTAGCAT 60
   TCAACACTCT TTTTGCTTTA AAAAGAATGG CCTTACAAAG GGACAGAAAA GAGAAGACAC 120
   GAGCTTGGTG TATTTTCATC AAGTTATGTG GCAGAGAAAT CCAGATATTA CCAGGACCTG 180
   TCTAAACAAA TGTTGTGGGT TTTCTTTTCA TTCGGATAGC CACTTTATAG TTGGAATATC 240
   AATTCTAATG AGGAGGAAGA CATAAATATA AGTGGTAAAA AGAAACATGA CTCCCTTAA 300
15 AACAGGCTGG ATAATCTATA TCAGCCTTGT GGGTGGAGAC TAGTATTGA TCCTTGCCAT 360
   ATAAACATT TTAATATGGT TTACATGGGA AAATATCGAT GGCTTCCTCA CAAAATGTAT 420
   GGGTGACGTG AAGTTGAAGA GCCAATGGCT TGGGTGACAC GTGCTGGATC CAAAAAGATC 480
   AGGGAGACTA GAATAAAACT TGGATGTTAA AAATTCACCA GGAATCCACA TAAAGTACTA 540
   TATTTGGGCT AAAATGAAAA ACTAAATACA AGGTGGGAGA GAGGCAAGAA TTTCAGTTGA 600
20 CTAAGCTCAG TGTGAGTTCA AAGTGGGATG GAACCATGCA AAAACAAAAC CCACAGACAT 660
   GCAGGCTACG TGAGGAGAAA ACAGTGGTGA GGATCACATC ACATTGTGTT TGCATTTGCC 720
   GGAACCATAC TTTAAGAAGA AAACCGATCA TCTATAATAA CATCAGTTTA TCAATGCCCC 780
   GTCCTGATGA AGTGTGCAGA CTCTCAGAAA CAGCAGGAAG GACTTCATGA GAACCCTCAG 840
   GCTGGAGAAG GGACTAGGGC ACAAGGAGAG CTCTCCTAGG ACCAGGACCA AGAAGCTACA 900
25 GGCAGGCACA GTTTAGCTCC TGCAGAGACC CAGCTTTTCA CAAGTTGGAG CCTTCCAGAG 960
   ATAGAGGGAC TGTGGTAGGT GGTGACCCAC CCATCACTGG AGGTGGAAGC AGAGGCCGTT1020
   TGCCAGGGAT GCTGGAGAGG GGATTCAAGC ATCTGGCTGG GCAACGTGAT GCTCAGGGCC1080
   GTCTCCACTC AGGGCTTAGG GGAGTCTGTG AGTAGAAGAG CTTTAGGTGA TTTGTTTGGT1140
   GGGGGAAGGC AAGTACACAG CTATGCACTT TCCGTTTCTG ACTTTTGCCA CCTGTGAGC1200
30 CATGGGGAGC CCACTGTGGG ACTGAAACCC TGAGCTGAAT GCGGCCTCAT GTCTCAGAGA1260
   AACACTGGCA AGTTGGTCAG AGCCGCCGTC TGCATCGAGG CGTACTGAGC GGCAGGATGG1320
   GGGGCTGCCT GCCCAGGGTC TCTCACCCTG GTGTAAGCAG AGCCATGGCT TGCCTAGGAC1380
   CCTTAGATCA CCACTACTCT TTCTCAGCTC GACTGGAGTT TCTGCACCTT TGCAGGGGCA1440
   AAGTAACTCC CTGCACCCTG AACCACCCCC CATTCTGTT CATTTCAGCA GATAATGATG1500
35 GAGGGGGGGG GGTGTCCATC GTGCTGAGGG TGTGACCGCA AGAGGGTGAA AACTTCCAGC1560
   CAACTTTCTC AGTCCTTTCT CTTGCGAGAG GGAAGCCACC TGCTATACAA ACTAATACCC1620
   CCTGCCTTGA CCCCTTCCCC ACGACTCAGT TGACAGAAGG ATATACTTTG TTATAACTTA1680
   TTATTTTGTG CTCTGTAAAT ACAAGATGTT TATAGGAAAT ATGTATTCTG AACTCTATCT1740
   GCAGAATGAG TCACTACACC AAAATAGTTC TATTATTTAG AATGTGTTAA TTTTAAAGGG1800
40 ACCTGATAGG TATTTATTTA CATATGCGAT CCACATTTGT GTGAAAGCAT GTGATCATA1860
   TAACCCAGCC TCCTGGAATG TCGCTGTACG ATGATTGATG TCTTTTCTC AGTCCATAGT1920
   TACAATTGTT TAGTATGCTA ATCAGTCCAG TTCCCTGAGG TTTAAGATCA AATATAAAT1980
   ACTCTGCTTT TCGACTCATT CAGGTAGCAT TGTACCTGAA CCTGATTGCT ACTTTTTCAT2040
   CTTAAATATT ATATTTCTCT ATCTAATCTG CCTTCCCCTC ATCCACAGAC ATTTGGAGAA2100
45 GGAAATGGGA GGGTGTCTGT TATCCCTTTC TCTTTGCTTT GTCCCCGTTG TTAGACTGGC2160
   AGCGTCAGTT GCTCGGTGGG CTTGGTTAGA GCCGTGGGTG AGGCAGGTGG CTGGCGGGGA2220
   CAGGGAGAGG CTGAGAGGGA AGTGGTGGCA TTTACTGCTC TGACACTTCC ACTGTCCCTG2280
   CTGGGGATGC TGGGGCCAAG GCCTGTGGGG CCTGTGAACT GCACAGCCAG GAGCAAGGAA2340
   CCCACTAAAT ACTCCGTCAC CTCCATGTCC CCTCTACAGT GTTAAATTAT TACATAAGCA2400
50 GGTGAAAGGT AGAAGGCGAA TTATGTGAGT AAATATGGTC TGTTTTCTCT TCAGCAAAAA2460
   TGACTATTTT TGTGTGTGAC TAATTTATTT TTATTATTGT AAAGATACAA TAAACCGGT2520
   GAAATATCTG CTTTGTGAC AAGCGTGTGC TTTCTATGGC NTTATTNGCG TTCTGTTNTC2580
   CTGNAAATAG CGCC 2594
```

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 242:



## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1012 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 242:

```
25  TGAAGTGGAG AGGTGAAGGT TGCAGTGGCC TGAGATCGCG AAACAGAGCG AGACTCCATC 60
    TCAAAAAATA AATAAATAAT AAAATTGGCC GTTCACGGTG GCTTATGCCT GTAATCCCAG 120
    CACTTTGGGT GGCCGAGGCG GGTGGATCAC CTGAGGTCAG GAATTCGAGA CCAGCCTGAC 180
    CAACATGGAG AAAACCCCGT CTCTACTCAA AATACAAAAT TAACCGGGCG TGGTGGCGCA 240
    TGCCTGTAGT CCCAGCTACT TGGGAGGCTG AGGCAGGAGA ATCACTTGAA CTCAGGAGGC 300
    AGAGGTTGCA GTGAGCTGAG ATCATGCCAT TGCACTCCAG CCTGGGCAAC AAGAGTGAAA 360
30  CTCCGTCTCA AAAAAAAAAA AAAAGAGATG TTTTCATTT TTTTCATGTT ATCTATCCAA 420
    GCACTGTTCC ATGGTCAGCA AGTCATATTT CATAATGTGG ATTTTCCAA ATAATTATTG 480
    AATACAGCTA TTCTATGGCT ACTTTTAGTG TTTTGTGGT ATGTGGTGTG GGAGTGTTTA 540
    TGGAATTACC AGTATCTTAA ATTTTCAAAG GAACCTTGGA AGTCTATCAC TCTAAATGAA 600
    AGTCTGTCAC TCTACATGAA TTATGTGCTC AAATTTGACC AACTCAGTTT AAGACACAAA 660
35  ACAGTAATTT GAAGAAGGAA AAATGAAGAG AGTTTCTAGT TTAATGGGTT AAATTTTGT 720
    TGTTGCAATA GTAAGTTTAG TCTTCTTATA ATATTCTAA ATGAAAAATC ATAGGTATTT 780
    GTTACCATGT GTGAAGATTA CTTTGTTAAA AGCAAAAGTG GTCGTGTGAT ATGCTAAATG 840
    TTAATTACTG ATTTTATATG TTAAATCAC GCCAAACAAA TTATGTCTGT GCCATCCAGG 900
    GTCTGTTGTT AATCTTTTTC TGAGTACTTG GATTGGGATA AAGGGCTTGT ACTATGCACT 960
40  TTTTATTAAT GAATAAATAG AAAACGTTAG TAACAAAAAA AAAAAAAAAA AA 1012
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 243:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1206 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 243:

15

```
TGAGACGGAG TCTCGCATCT GTCGCCCAGG CTGGAGTGCA GTGGCGGGAT CTCGGCTCAC 60
TGCAAGCTCC GCCTCCCGGG TTCACGCCAT TCTCCTGCCT CAGCCTCCCA AGTAGCTGGG 120
ACCACAAGCA CCCGCCACTA CGCCCGGCTA ATTTTTTGTA TTTCTAGTAG AGACGGGGTT 180
TCACCGTTTT AGCCGGGATG GTCTCGATCT CCTGACCTCG TGATCCGCCC GCCTCGGCCT 240
20 CCCAAAGTGC TGGGATTACA GGCCTGAGAC CGCGCCCCAC ACTATGAGTG TTTTAAACAC 300
CATTCTCCCC CACTTCTCTC CTGGGTGACA TAAGAGAGAA ATAACCNTGT AGTACAGCAG 360
CTAAAGTATT CTCCTTTCAG AGAANNTTTT TTTGGAGGTC TCTAATATAT ATTTCCCCCN 420
TTGTCTCTGT GATCTCTTAT TTATACTATA TTATTGTCCC ATGTACTTTC TAAACTGAGC 480
TTGGAACATT TAGTATTCCT GCAATTGGAC TTCCCACCTA ACAATTATAC AGACTTGCT 540
25 TTTAGAAATA GATTAGGTTT CAAACAGAAA GTTCNAANGT GTAACAACNA ACAATAAAAA 600
TAGATTATGA AACANGGCTA TAATTGGCTC TTTTGGATTT NGATAGGGGC AAGATGAAAG 660
GNCAACNTTT CTTGCNTTTT GAAANNTCAT NGTTNGGGTA ANGAGGTAAG GNAATNCCAG 720
CTANCAATTT TNATTAGTGC TTGNAAANCG GGCTTNCCTT NGAATTCNTC CANGGNCCCT 780
ATCATTTTTT TTTTCTTNAC TAATNCAGAA GAGAGNCTGG GGTAGAAGNC CCCATNGTTT 840
30 GTATTCCNAT GAAACACNGT CGGGTTGGNA GTAAAGGCAA AAACAGCNTA GACACACCAG 900
GNTGTGTCTG NNTTTGACAT TTATAAGCTG GCACTCATCA ACACTCCTGT TTCTCCTTTC 960
TCTGGGACGT GTGGATTAAG GGGTGTGAGT TGTGGGAAGA ATTNCCCTC GTACCTCCTG1020
GATTTATTAT TTTTCTCAA TACCAACCNA GTAAGATCCC AAATAACTTG AGAAAAATTG1080
TTTCCTGATC TGTCCACTTC TGGTGTCAA GATTTTACTC ATCTTCTTAG TACATTCTAT1140
35 GTATTTTATA TGTATAATTT TNATACAATT AAAAATAGAT TTTTGTNCTA GTNGAAAAAA1200
AAAACA 1206
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 244:

40

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2514 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 244:

10  
AAGGTGAAGA GCGGCATCCG GCAGATCCGG CTCTTCAGTC AGGATGAGTG CTCCAAGATC 60  
GAGGCCCCGA TCGATGAGGT GGTGTCCCGC GCCGAGAAGG GCCTGTACAA CGAGCACACG 120  
GTGGACCGGG CCCCCCTGCG CAACAAGTAC TTCTTCGGCG AGGGCTACAC GTACGGGGCC 180  
CAGCTGCAGA AGCGCGGGCC GGGCCAGGAG CGCCTCTTAC CCGCCGGGCG ACGTCGACGA 240  
15 GATCCCGGAC TGGGTGCATC AGCTGGTGAT CCAGAAGCTG GTGGAGCACC GCGTCATCCC 300  
CGAGGGCTTC GTCAACAGCG CGGTCATCAA CGACTACCAG CCCGGCGGCT GCATCGTGTC 360  
CCACGTGGAG CCCATCCACA TCTTCGAGCG CCCCATCGTG TCCGTGTCCT TCTTTAGCGA 420  
CTCTGCGCTG TGCTTCGGCT GCAAGTTCCA GTTCAAGCCT ATTCGGGTGT CGGAACCAGT 480  
GCTTTCCCTG CCGGTGCGCA GGGGAAGCGT GACTGTGCTC AGTGGATATG CTGCTGATGA 540  
20 AATCACTCAC TGCATACGGC CTCAGGACAT CAAGGAGCGC CGAGCAGTCA TCATCCTCAG 600  
GAAGACAAGA TTAGATGCAC CCCGGTTGGA AACAAAGTCC CTGAGCAGCT CCGTGTTACC 660  
ACCCAGCTAT GCTTCAGATC GCCTGTCAGG AAACAACAGG GACCCTGCTC TGAAACCCAA 720  
GCGGTCCAC CGCAAGGCAG ACCCTGATGC TGCCACAGG CCACGGATCC TGGAGATGGA 780  
CAAGGAAGAG AACCGGCGCT CCGTGCTGCT GCCCACACAC CGGCGGAGGG GTAGCTTCAG 840  
25 CTCTGAGAAC TACTGGCGCA AGTCATACGA GTCCTCAGAG GACTGCTCTG AGGCAGCAGG 900  
CAGCCCTGCC CGAAAGGTGA AGATGCGGCG GCACTGAGTC TACCCGCCGC CCTCCTGGGA 960  
ACTCTGGCTC ATCCTTACGT AGTTGCCCTT CCTTTTGTTT TGAGGGTTTT GTTTTTGTTT 1020  
ATTGGGGGT TTTTGT TTTTGT TTTTGT TTTTGT TTTTGT TTTTGT TTTTGT TTTTGT TTTTGT  
TTTGTGCTT GTTAAGGCTG AAGAATAGAA TTGGCCAGGA CCTAGGTTCT CATATTCTTG 1140  
30 GTATTCCTCC TGGATGGAAG GGCTGTTGGC ATCAATAGGG GACAGAGGCT GATGCTGGAG 1200  
TGGCCAGTAG AGGTGGTGGA GCAGAGCAGC CATCTTTTAA GTGGGGCTGT ATCAGGCTGG 1260  
GTTTATTTAA AAGCAACAAA ATGTTTTGGT TAAGAAAATT ATTTTGCTTT CAGTGTAAT 1320  
CTTCGAGTG TTCTAAACAA AGTTCAGTCT TCTGCTCGCC CCTTCCCTC ACTGATGTCT 1380  
GCACTTGGTT GAGGTCTCCT GGAGCCTCAC AGGCTCTGCT GTTCTCCACT TCTCACCTGC 1440  
35 CATCCAGGCC CTGCAAGCTC ATGCAAAACAC CCTTTCTTCC TCCTGCGGCA GAGTTGTTCA 1500  
GGTTGCCTGG GCAGGGGCTT AAACAGTGCC AGCCCTGCC ATCCCAAAGC TATTGTTAAG 1560  
CCCCCAGGC GTCCTCCACC CACGCCACT AGCCTGCCAT GTCCACAGTT CCTTGGGCTG 1620  
CTGAGGGGCT AGTGCAAGTG TCCTGACCTC TCTTATCAAG AGCACACTTC TTTGCTGGTT 1680  
GCTCCTTTTG AGCATATGCG TGTGATTATT TGGAACAGTT AGACTTGCCA CGTTGGGTCA 1740  
40 GTTTTAGAAA TTGTTTCTAG CTAGAGGGAC TGGTGTCTTT CCAAGTCTAG CATTTGGGGT 1800  
ATGGAATAAT GTTGTGGTGT GTGGTAGGGT TTTTGT TTTTGT TTTTGT TTTTGT TTTTGT TTTTGT  
CCTTTAGTCT CCTGGCTTTT TCCTTTCCCT TCCCTTCTCC ACTGGCCAGC TTGGGCTCA 1920  
TCCTCATGTC ATCCTTCTAG GAAGGCGCCT GCCCATCTT GTCTGCCGCG AGCATGCATC 1980  
CAAGGCCAGA GCTCAGGCCT GCAGACTGGG CTGGTGCCCT CTCCGCTTCA GGGTATGGGA 2040  
45 GTTGGTGAAG GGGCTTTCAA AAAATAATAA GAAAAAAAAG GTAAAGTCTT TGGTAGCTTC 2100  
TATCCACTCA GATCCTGGAA GGCAGCAAGG TTTTGTGGAT CTAGATTCAT TAGGAATGTC 2160  
TTCTTGTCAG CCAGGCCAGG ACCCGGGCTT GCCAAGAGCA GAGGCCCTCC CAGCAACCAG 2220  
GATACCACCA CTTTGGGGGC TTTGTGTACA GAGGTCCGGG TCTGAGACCT CATAGGCTGC 2280  
AGAAATCTGG GGCAGCCACC ATCAAGAAGC CCCTCTCAGG GGCCAGAACT CCTTTGCCAG 2340  
50 CGTGGATTTT TCAAGTCGGG ACTGCATAAT TAAAGCAGTT GCAGTTTTAT TTTTTTTACA 2400  
GCTTTTTTCC CAAAAATGAT TTGTAGTTGT GTGTGCAGCA CTTCGCCCTG ATATGTGTGC 2460  
TCTACAATAA AAACCAAATC TAATATATTT TGAAAAAAA AAAAAAAA AAAA 2514

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 245:

55

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE:3903 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 245:

GCAGTTGGAT CCCTGGCGGG TGC GGCCCGG CCCGGCCCGT GAGCGGCGCA CAGAATGGGC 60  
CGATGCTGCT TCTACACGGC GGGGACGTTG TCCCTGCTCC TGCTGGTGAC CAGCGTCACG 120  
25 CTGCTGGTGG CCCGGGTCTT CCAGAAGGCT GTAGACCAGA GTATCGAGAA GAAAATTGTG 180  
TTAAGGAATG GTACTGAGGC ATTTGACTCC TGGGAGAAGC CCCCTCTGCC TGTGTATACT 240  
CAGTTCTATT TCTTCAATGT CACCAATCCA GAGGAGATCC TCAGAGGGGA GACCCCTCGG 300  
GTGGAAGAAG TGGGGCCATA CACCTACAGG GAACTCAGAA ACAAGCAAA TATTC AATTT 360  
GGAGATAATG GAACAACAAT ATCTGCTGTT AGCAACAAGG CCTATGTTTT TGAACGAGAC 420  
30 CAATCTGTTG GAGACCCTAA AATTGACTTA ATTAGAACAT TAAATATTCC TGTATTGACT 480  
GTCATAGAGT GGTCCCAGGT GCACTTCCTC AGGGAGATCA TCGAGGCCAT GTTGAAAGCC 540  
TATCAGCAGA AGCTCTTTGT GACTCACACA GTTGACGAAT TGCTCTGGGG CTACAAAGAT 600  
GAAATCTTGT CCCTTATCCA TGTTTTTCAGG CCCGATATCT CTCCCTATTT TGGCCTATTC 660  
TATGAGAAAA ATGGGACTAA TGATGGGAGAC TATGTTTTTC TAACTGGAGA AGACAGTTAC 720  
35 CTTAACTTTA CAAAATTGT GGAATGGAAT GGGAAAACGT CACTTGACTG GTGGATAACA 780  
GACAAGTGCA ATATGATTAA TGGAACAGAT GGAGATTCTT TTCACCCACT AATAACCAAA 840  
GATGAGGTCC TTTATGTCTT CCCATCTGAC TTTTGCAAGT CAGTGTATAT TACTTTCAGT 900  
GACTATGAGA GTGTACAGGG ACTGCCTGCC TTTCGGTATA AAGTTCCTGC AGAAATATTA 960  
GCCAATACGT CAGACAATGC CGGCTTCTGT ATACCTGAGG GAAACTGCCT GGGCTCAGGA1020  
40 GTTCTGAATG TCAGCATCTG CAAGAATGGT GCACCCATCA TTATGTCTTT CCCACACTTT1080  
TACCAAGCAG ATGAGAGGTT TGTTTCTGCC ATAGAAGGCA TGCACCCAAA TCAGGAAGAC1140  
CATGAGACAT TTGTGGACAT TAATCCTTTG ACTGGAATAA TCCTAAAAGC AGCCAAGAGG1200  
TTCCAAATCA ACATTTATGT CAAAAATTA GATGACTTTG TTGAAACGGG AGACATTAGA1260  
ACCATGGTTT TCCCAGTGAT GTACCTCAAT GAGAGTGTTT ACATTGATAA AGAGACGGCG1320  
45 AGTCGACTGA AGTCTATGAT TAACACTACT TTGATCATCA CCAACATACC CTACATCATC1380  
ATGGCGCTGG GTGTGTTCTT TGGTTTGGTT TTTACCTGGC TTGCATGCAA AGGACAGGGA1440  
TCCATGGATG AGGGAACAGC GGATGAAAGA GCACCCCTCA TTCGAACCTA AACATTGCCT1500  
TTGCTTGGTG AAGAACTGT GTGAGCTGTC CTGACCTGGA CGATGACGTG GGGAAACCCT1560  
CCACCTCCTT GCAGGCTTGT TGCCTGTTGA AAGAAGGAAA AAGACACGGC GCTGGCAAGT1620  
50 GATAGGAACA TTCTGGCCAG AGGTAAAGA GCAGGCTGAC ATGGCTGGCC ATTAAGCTTT1680  
ATAAAATCAT GTGGGCTCTG AAATTGTTCT TTTATGTGTC TAGCAAGTAT TTAATAAACCT1740  
CTTGATAGT AAAAAAAG TTGTTGGGTG CTGGTAGCTC CAGAATTTTG TGACCACTAT1800  
TGTGGGTAAA ATGTCTCTGC ATCACTTGTT AATGCTACTG GTCTAACTTC ATTCAGTATG1860  
CTTCATTCAC CGAACTTTGT GCTCAAAATG CGTATATACC ATTTTATGTT GTATTCTCC1920

ATTTCACTTG CAAAACAGAA GTAAATAAGA GTTCGGGACC CAGGGTAAAA TGGTAGCTTC1980  
ATCCAATATA TCATTCAAAT GCATCTGATT TCTAAAACAT ATTACATTTT ATGCTGATCT2040  
TCAGTTCATA ATTCTTCCAG GAAAACTCAG TCTTCCAAC TCAATAAAAT ACTGGGTAGA2100  
ATCAAATGGG AAAGGGGTTG GGTGGGGCAA TACCCATGAG TTGATAGTGA TAAGCTCCTA2160  
5 AGGATTTTTTA ACTTGTAATT TTGTGAACGA AGAGAATGCA TAAATAATGT TGGTGAGGAT2220  
AAAGTACAGA TATTTTCATGT AGAATTAATT GCTAGTTATG ATGCTTGTGG ATAGTTAACT2280  
GTTTTTTTTT TAGTCAAAAT GATCATGCTA CGAAAAGATG CTTCTGAGAG AATGTAATGA2340  
GTAAGTGAAT TTTCTTCCCTG AGTCGCCCTT GCCAAATATG TTACTGTATT AATTAATCTA2400  
ATATTGAGTG ATTATTTGTA AAATTATGAA TATGGGAAAT CCATCTATCT ACAGCCTAAG2460  
10 TTACACATAA GTTTCAGAAA GTCTGATTAG ACTAAAGAGA TATTTCTTCT GGGACAGCCT2520  
TCTTCTTGGT AATTTTGAAG TTCTTTTAC AAGTTCCTTC CTCAGTTTCA GTTCTTTCCA2580  
GTGTTTTGTA GCTCACTGTC ACTCACTGAA TAGAGAAACG TGTGCCCTAT ACTTCCTGTG2640  
ACAATCATTT TGCTGACAGA ATGATGGATG TTTAAAATAT TGCACAAAGT ACTTTAAAGA2700  
AAGGTCTGTT AGGACCAGAA GCAGAGACAC CACTTTTCAA AGGACTTCTT GGTTCAGCA2760  
15 TAACCTAAGA CAGGGAATTG GGAGCCATCA TATGTCACAG TGTTCAGAAT TCAAGCATAT2820  
TTAAGGGCAT TTTCTTTGAT TCTCAAAGTT CAGCATTTCAT TTTGAATTGA GAAGCCTATA2880  
CATTTAGCTG ACAAAGTGCT TATAGAATTT CTTAACAAC TGAACCATTC AAAGGATTTT2940  
TTTTGTTTAA AACTGGATTT CAATGTAAGC AAATGAAGAA AAAATATAGA TTTCAATTTCC3000  
ATAGCTTCTT ATCCCTGTAT TGAGGTAATA AATTGTTTTC CTGACAATTT TTCCTTTTTC3060  
20 TACACTAAAA CAATATGTGA TATATTTCCC CTCTTGAAGA GGCAATTCAT TAAACTCTCA3120  
AATTTTCTAT AGAATCAAGA TAGAACCTTT AGATACTCCA ACTCACCAAA ATGTAAAAAA3180  
ACTAACAAAA ATATTTGGTC TTCAATAATG CTAAATATCT ACATTTTTCAG AATTTATCAA3240  
CATTTAACTA GATAATTGGG CATGCTCTTA TTATGCATGT ACTTATCCAT ACTAATAAAA3300  
TTGACAATGC TAGTGCATAC TTATTGGTTT AGTCCTATTA TCAGGATATA ATCATCTGTG3360  
25 AGGAGGATAT TTTAAATACT GTAAATGATA ACAGTTAATG ATATACACAT TTAGACTGAG3420  
TTGCACACTG GCAGGGAGAC CAAAACATT ACTTCCATAC TTGTGTCATG ATTCTTTTTT3480  
TTTTGAGAGA GTCTCACTCT GTCGCCAGGC TGGGAGTACA GTGGCATGAT CTCGGCTCAC3540  
TGCAACCTCT GCCACCCAG GTCCAAGTGA TTCTTCTGCC TCAGTCTCCC GAGTACTGG3600  
GACTACAGGC ACCCAGGAGC ATGCCTGGCT AATTTATGTA TTTTGTAGTAG AGACGGGGTT3660  
30 TCACCATGTT GGCCAAGCTG GTCTCAAAC CCTGACCTCA AGTGATCCAC CCACCTCAGC3720  
CTGTGCAAGT GCTGGGATTA CAGGTGTGAG CCACTGCGCC CACCTTCTAT TTTTATCTTC3780  
TTTTTAAGGA ATTAATTATT TGAATATGGC AAACATCCAC ATGGGGCCTA AAGTCAAATA3840  
ATGTAAAGCG ATACATTAAA AGGGCTTTAC TTCCACCTC TTAGGTCTT AATTCAGTCA3900  
GTT 3903

35

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 246:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 40 (A) LÄNGE: 1730 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 246:

```
GCATTTCCTGC CATCGCCAC CGTGGCGGCA CAAGCGGCAG CCCGAGAACA CGCTGGCGGC 60
CATTCGGCAG CTAAGAATGG AGCAACAGGC GTGGAGTTGG ACATTGAGTT TACTTCGGAC 120
GGGATTCCTG TCTTAATGCA CGATAACACA GTAGATAGGA CGACTGATGG GACTGGGCGA 180
10 TTGTGTGATT TGACATTTGA ACAAATTAGG AAGCTGAATC CTGCAGCAA CCACAGACTC 240
AGGAATGATT TCCCTGATGA AAAGATCCCT ACCCTAAGGG AAGCTGTTGC AGAGTGCCTA 300
AACCATAACC TCACAATCTT CTTTGATGTC AAAGGCCATG CACACAAGGC TACTGAGGCT 360
CTAAAGAAAA TGTATATGGA ATTTCTCAA CTGTATAATA ATAGTGTGGT CTGTTCTTTC 420
TTGCCAGAAG TTATCTACAA GATGAGACAA ACAGATCGGG ATGTAATAAC AGCATTAACT 480
15 CACAGACCTT GGAGCCTAAG CCATACAGGA GATGGGAAAC CACGCTATGA TACTTTCCTG 540
AAACATTTTA TATTTGTTAT GATGGACATT TTGCTCGATT GGAGCATGCA TAATATCTTG 600
TGGTACCTGT GTGGAATTTT AGCTTTCTCT ATGCAAAAGG ATTTTGTATC CCCGGCCTAC 660
TTGAAGAAGT GGTGAGCTAA AGGAATCCAG GTTGTTGGTT GGACTGTTAA TACCTTTGAT 720
GAAAAGAGTT ACTACGAATC CCATCTTGGT TCCAGCTATA TCACTGACAG CATGGTAGAA 780
20 GACTGCGAAC CTCACTTCTA GACTTTCACG GTGGGACGAA ACGGGTTCAG AAATGCCAG 840
GGGCCATCATA CAGGGATATC AAAATACCCT TTGTGCTAGC CCAGGCCCTG GGGGAATCAGG 900
TGACTCACAC AAATGCAATA GTTGGTCACT GCATTTTTTAC CTGAACCAA GCTAAACCCG 960
GTGTTGCCAC CATGCACCAT GGCATGCCAG AGTTCAACAC TGTTGCTCTT GAAAATCTGG1020
GTCTGAAAAA ACGCACAGA GCCCCTGCCC TGCCCTAGCT GAGGCACACA GGGAGACCCA1080
25 GTGAGGATAA GCACAGATTG AATTGTACAA TTTGCAGATG CAGATGTAA TGCATGGGAC1140
ATGCATGATA ACTCAGAGTT GACATTTTAA AACTTGCCAC ACTTATTTCA AATATTTGTA1200
CTCAGCTATG TTAACATGTA CTGTAGACAT CAAACTTGTG GCCATACTAA TAAAATTATT1260
AAAAGGAGCA CTAAAGGAAA ACTGTGTGCC AAGCATCATA TCCTAAGGCA TACGGAATTT1320
GGGGAAGCCA CCATGCAATC CAGTGAGGCT TCAGTGACA GCAACCAAAA TGGTAGGGAG1380
30 GTCTTGAAGC CAATGAGGGA TTTATAGCAT CTTGAATAGA GAGCTGCAA CCACCAGGGG1440
GCAGAGTTGC ACTTTTCCAG GCTTTTTTAGG AAGCTCTGCA ACAGATGTGA TCTGATCATA1500
GGCAATTAGA ACTGGAAGAA ACTTCCAAAA AGATCTAGGG GTATGCTCAT GGTGCAAAGT1560
GGGGGAACCTA AACTCTTAGG GGAGAAGAGG GGGTGACCCG CAAAAGAGAC GAGATTAGAG1620
GGAACGAGAG GGGGAAGCCG GAGAGTCCAG GAAATAAGGA GGTGAAGAAA GAAGGTTGTT1680
35 TAAGGCGAGC TGGGGAAGTT GGAAGCCGA AACTTGAAAG GAGGATAAAA 1730
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 247:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 40 (A) LÄNGE: 3439 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- 45 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 50 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 247:

```
CAGATTTTGC CGGCTTTTAT CCTTTTATTT AACGGATTGA AAAGAGCATA TGCCTGCCAT 60
GCAGAACATG AAACCGAGGA ACTGGGGAGT GATGAAGATG ATATTGATGA AGATGGGCAA 120
10 GAATATTTGG AGATTCTGGC TAAGCAGGCT GGTGAAGATG GAGATGATGA AGATTGGGAA 180
GAAGATGATG CTGAAGAGAC TGCTCTGGAA GGCTATTCCA CAATCATTGA TGATGAAGAT 240
AACCCTGTTG ATGAGTATCA GATATTTAAA GCTATCTTTC AAACATATCA AAATCGTAAT 300
CCTGTGTGGT ATCAGGCACT GACTCACGGT CTTAATGAAG AACAAAGAAA ACAGTTACAG 360
GACATAGCAA CTCTGGCTGA TCAAAGAAGA GCAGCCCATG AATCCAAAAT GATTGAGAAG 420
15 CATGGAGGAT ACAAATTCAG TGCTCCAGTT GTGCCAAGTT CTTTCAATTT TGGAGGCCCA 480
GCACCAGGGA TGAATTGAGT TATCTCTTTC TTTCTGCTG TGTGCTTGTA GTGAAGAGCT 540
TGTGTTCCCTC CTAGTAGTGG TTCCAGAAGT GGTTCAATGT ATCTATTCTA AACTAATAAT 600
CAATAGATGG ACAAAGAAA CAACAACCCC AGGAGATGGG ACCTGATCAT GCAACCTGGC 660
ACTGGAAAAG AAATCAGCGG GATTTTGGGG GTGGGGGGGA TGGGAGGTAC CTTAGAGGGA 720
20 GTATTTTCTT TATTTTTTGA AGAAAGTAAG ATCCTGACTC TGAAGCTTCA AAGTGACACT 780
GTGGAAATCT GAAACGAGGG GATGTCATGA AGGCAGCTTT TCTTTTCTG AGGAAAAAAT 840
AGGCATGGGC TACAGGACTA TTTAAATGT CTCATTTACA GTATAAACT CAAAGGTAGA 900
TGTAATTTTT ACACCTATGA GTATTTGTCC AATTTCTGTC TCTTCCCTCAC CATTGGGTAT 960
CTATTCTTTA TATGTAAATA AGATAAGGTC ATCTGATAGC CTTATTCAGT CTTCATCATT1020
25 TTCATCATTG TTCCTATGTA GATTATTGGA CATTTATTGT AGCACTACAT AACTGATTAT1080
AAAAATCTGT AAATGAATTA GCACTTTCAT ATTGAAACAA GCCTGCTAGC CTATGTATAA1140
AATAGCAAAA TGTTTGCTGT TTATAAAAAG ATGTAATGGG GTGGGGGGCA GGGGTAATTT1200
CAAGTTATTA ATTTAAAAAT GAAC TAGCAA TTTTGTACCT GGTGACTTTG TGGTGCACTC1260
ACCTCTGATA GTGACTTGAA TTCGGTATGT AAAAAGGGGT TAGTGGTATT TCATTGCTGC1320
30 TAAAAATGAC AACTCCCTCT GTGTCCTGTT TTTCTTAAAG CTGTCAGTGT ACAAGTGGGT1380
ATTTGAATAC CAGACCTTAC TGTAATAAAT AAAAAGGTG GTATCTAGAG CATGTAAATT1440
GGATATAAAG TTCTGCTCTT AAAGAGTTGA TCTAAGAGTA TGGCTAAACA TCTATATATG1500
CAATCTATTA AAAGAACTTA ATTCGGCTAT TATGCTTGA TTTGATTGCA GTTTTTTCCT1560
AATTATAACA AATTTTTTCCT CATTGGCCTG TTTTAAATCC TGTGCCTAGA AGGAGTACAA1620
35 AATGCACACT TTACAAAATT GATATTTAAC ACTTACCCAC TCCCTTTTCC CCATCTCTTC1680
TACCGCTCTT GTTGATCGTG GTATCTGATC TTGACTAGAT AGGCTGAAGG CACATGGTTC1740
CCTCCAAAAA CCACTATTGA TACCACTACA AAAACAAGCC AGCAAAAAGA TACTGTAGAG1800
AGGTTGGCTT GCTTCCCTCT CTTCTTAAT GCATGTTGAA AAATAAGCCG TTATTGATCT1860
TAAACATCGG TCAGATGAGT CATACATTGG GTTATTTTTT ATATACATGT ATACAAAAA1920
40 TATTTCAAAT TGAAGCAAC ATCTTAATGG ATTCAAACT ATTACAAGCT GTTGTCTAAA1980
ACAGGTGAGA AAAAAATTTA TAACTGTAAA AACAAATGCA CATATTGATA TTTAAATATG2040
GTAATTAAGA AAACCCATTG TTGTTGTGTT TTTCTTGAT ACCAATAATT AAGCCACTAC2100
TGTTGGCACT GTTTGGTTTT CTATTTTAACT ACTGAAGGAG TGAAAGTATT TCCTATATTT2160
ATGAATTTAC TACTAAAATC TTGGCAAAAA AAGAAAAAAA TTGTCTAACG TGTGTGGGTG2220
45 AAAACTGTTA ATCAAGTGTT TCTACTCCCC CCCGAAAATC CCCTGAAAGT TGGACACCAA2280
CTGTATACCC TAGGTTGCTT AAAGGGATTT CACTATTATA TAAAGTCAAT AAAAAATGAAG2340
TAGTTGTATA TATGCAACAT TGTGTACAGA GGGGAAATAA TGAATAGTAT TAAAGAAACA2400
TTCTCGTCTT CCTTTACCTT TAATCCCCTA ATACCTAGTC TACTTTTTAA ATTTTCAGAC2460
TTCAGTGCTT TTTGAATTCA TAATCTAAT TTTCACATTA TTGTTAATGG AAAATCATAT2520
50 CTAATAAAGG TTTTAGTTAT TCCCATGCAC AGTATGAAAA TTCTCATTG CTGAGGTTTT2580
GTTTCAAGAA AATGTATTGG CATGCTTTTG AGAACATGTT TTATTGTCTC CTGTGTCATA2640
TAATCCAAAC TAATCTCCGT TTACAGACTT TAACTTGAAA TTAGACCTTA TAATTAACT2700
ATTTAAATAG TGTTCAAATG ATAGTTTCTA ATGCATCAAA TATATACCTC AGTTTTTCATG2760
ATTTCCCTTTA ACATTATAAT TTGGTATAGA TCAAGAATCT TAACATGTAT CAGTTTCTAG2820
55 ATGAGGCTGC AGGATTTTTG GAAAACCTTT TGAATGTATT TACAATATTC TCTTGTAAAT2880
AGCTACATAG GGAATTGTCT TTTTTTCTTT TTACATACAG CTTTTCTTAC AGTTTTATTA2940
CCCTGTAAAT TTTTTTTAGT TGTAAGAAGT AATTCTGATT TTGTGTGGAT TTCAGTATTT3000
```

GTCTTTGTTA ATGGCACATA TTAGCATAAA TCACTTTTGT AAATGTAAGC TTTCTTTTTT3060  
TTTCTTGAAA AAGCCTTCT ATTTATCAGT ATTAAATAAA GGAAGTTAAT CTGTTTCTCT3120  
GCAGGTAATA AAATAGTGAC ACACTGTATT AAGATAGTGA CTGCTATACT CAACTCTGGA3180  
AGAGACTAGA GTATAGAGCA TGAGTGGCAA AACCACAGCC CTTGGGCCAT ATGCTGCTAT3240  
5 TCAGTCCCGAG ATGTAGCCCC TGAAGCAAGC ATAAAGAAAA ATGAATTAAA AATTAAATTA3300  
ATATGGAAAAG TAAAAAATG GATTACATTA GTATGACTAA ACCATGTCTT TGGCAAAGAT3360  
CTAACACAAT GTCTTAAGTA TAATAGGTAG TCTCTGTTTG TAAAATAAAT GACTTAAATT3420  
TAAACATCA AAAAAAAA 3439

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 248:

(A) LÄNGE: 378 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 248:

SCSSPSCHRG HERFRIASAC LDELSCEFL AGAGGAGAGA APGPHLPPRG SVPGDPVRIH 60  
30 CNITESYPV PPIWSVESDD PNLA AVLRL VDIKKGNTLL LQHLKRIISD LCKLYNLPQH 120  
PDVEMLDQPL PAEQCTQEDV SSEDEDEEMP EDTEDLDHYE MKEEPAEGK KSEDDGIGKE 180  
NLAILEKIKK NQRQDYLNCA VSGSVQATDR LMKELRDIYR SQSFKGGNYA VELVNDLSLYD 240  
WNVKLLKVDQ DSALHNDLQI LKEKEGADFI LLNFSFKDNF PFDPPFVRV SPVLSGGYVL 300  
GGGAICMELL TKQGWSSAYS IESVIMQISA TLVKGKARVQ FGANKSQYSL TRAQQSYKSL 360  
35 VQIHEKNGWY TPPKEDG\* 378

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 249:

(A) LÄNGE: 281 Aminosäuren

40 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:



## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 249:

5 AVGSAAALFKD GGGGTSAAEA GAAGQRLRSV NCLAYDEAIM AQQDRIQQEI AVQNPLVSER 60  
LELSVLYKEY AEDDNIYQQK IKDLHKKYSY IRKTRPDGNC FYRAFGFSL EALLDDSKEL 120  
QRFKAVSAKS KEDLVSQGFT EFTIEDFHNT FMDLIEQVEK QTSVADLLAS FNDQSTSDYL 180  
VVYLRLLTSG YLQRESKFFE HFIEGGRTVK EFCQQEVEPM CKESDHIHII ALAQALSVSI 240  
QVEYMDRGE GGTNPHIFPE GSEPKVYLLY RPHGYDILYK \* 281

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 250:

10 (A) LÄNGE: 245 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 250:

25 DHLQPQKNLC TCLAPGRGGQ QGSSGLEPAL FVEDIVVSRP VEKVDLGLGA LREDVRIGGA 60  
ALAAVHVLHL DGHAELGQR NDVDVVALLA HGLHLLLAEL LDSPSTLDEV LEELALALQV 120  
ARGEQPQVDH KVVGGALVIE GGQQVGDRL LLHLLNQVHE RVVEILNCEF SEALGHQVFL 180  
30 ALGRHSLEPL QLLAVIQQCL QVGESESPIE TVAVRPGLAD VRVLFVEVLD LLLIDVVIFS 240  
ILLV\* 245

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 251:

35 (A) LÄNGE: 294 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 251:

50 MLAARLVCLR TLPSRVFHPA FTKASPVVKN SITKNQWLLT PSREYATKTR IGIRRGRTGQ 60

ELKEAALEPS MEKIFKIDQM GRWVAVAGGAA VGLGALCYYG LGLSNEIGAI EKAVIWPQYV 120  
KDRIHSTYMY LAGSIGLTAL SAIAISRTPV LMNFMMRGSW VTIGVTFAAM VGAGMLVRSI 180  
PYDQSPGPKH LAWLLHSGVM GAVVAPLTIL GGPLLIRAAW YTAGIVGGLS TVAMCAPSEK 240  
FLNMGAPLGV GLGLVFVSSL GSMFLPPTTR GWCHSLLSGN VRWISSFQHV PSV\* 294

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 252:

(A) LÄNGE: 564 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

10

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 252:

MERELNHEKE RCDQLQAEQK GLTEVTQSLK MENEEFKKRF SDATSKAHQL EEDIVSVTHK 60  
25 AIEKETELDS LKDKLKKAQH EREQLEQCLK TEKDEKELYK VHLKNTEIEN TKLMSEVQTL 120  
KNLDGNKESV ITHFKEEIGR LQLCLAEKEN LQRTFLLTTS SKEDTCFLKE QLRKAEQVQ 180  
ATRQEVVFLA KELSDAVNVR DRTMADLHTA RLENEKVKKQ LADAVAEIKL NAMKKDQDKT 240  
DTLEHELRE VEDLKLRLQM AADHYKEKFK ECQRLQKQIN KLSDAQSANN NVFTKKTGNQ 300  
QKVNDASVNT DPATSASTVD VKPSPSAAEA DFDIVTKGQV CEMTKEIADK TEKYNKCKQL 360  
30 LQDEKAKCNK YADELAKMEL KWKEQVKIAE NVKLELAEVQ DNYKELKRSL ENPAERKMED 420  
GADGAFYPDE IQRPPVRVPS WGLEDNVVCS QPARNFSRPD GLEDSEDSKE DENVPTAPDP 480  
PSQHLRGHGT GFCFDSFDV HKKCPLCELM FPPNYDQSKF EEHVESHWKV CPMCSEQFPP 540  
DYDQVFERH VQTHFDQNVL NFD\* 564

35

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 253:

(A) LÄNGE: 250 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 253:

WTGTGRGAVA IMADPDPRYP RSSIEDDFNY GSSVASATVH IRMAFLRKVY SILSLQVLLT 60  
TVTSTVFLYF ESVRTFVHES PALILLFALG SLGLIFALTL NRHKYPLNLY LLFGFTLLEA 120  
LTVAVVVTFY DVYIILQAFI LTTTVFFGLT VYTLQSKKDF SKFGAGLFAL LWILCLSGFL 180  
5 KFFFYSEIME LVLAAGALL FCGFIIYDTH SLMHKLSPEE YVLA AISLYL DIINLFLHLL 240  
RFLEAVNKK\* 250

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 254:

10 (A) LÄNGE: 152 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF  
  
(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 254:

25 RKKGETEREL SASTQTLSHL QGHLPSWPRP APTVTSASRR FIIKKNQKQS QNQNKIQKEK 60  
TWGNGMRKRG GEEGRRAGLW MHNSRARGLG RKIPQRPAAC VALARHVVFV GRLPIHPVEI 120  
LVAGLLGGVK PVSDRQAGKG LGDGGCGRER V\* 152

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 255:

(A) LÄNGE: 151 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 255:

50 RHAGGGALGN LPPQPPGSGV MHPETCPSTF LASPLPHSIA PGLFLLDFVL VLALFLIFFY 60  
YESPGRRGDS GSWPGPGRQV ALEMCKLCR GAELSLCFSF FPLLLPLHTP VAGRNLGFPE 120  
SLGVPPFLPH PGGTPRAPGL FLLLFSEWAV \* 151

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 256:

- (A) LÄNGE: 276 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 256:

GRPGQSPAGA	EEPGPRDSSA	VITQISKEEA	RGPLRGKGDQ	KSAASQKPRS	RGILHSLFCC	60
VCRDDGEALP	AHSGAPLLVE	ENGAIKTPV	QYLLPEAKAQ	DSDKICVVID	LDETLVHSSF	120
KPVNNADFII	PVEIDGVVHQ	VYVLKRPHVD	EFLQRMGELF	ECVLFTASLA	KYADPVADLL	180
DKWGAFRARL	FRESCVFHRG	NYVKDLSRLG	RDLRRVLILD	NSPASYVFHP	DNAVPPASWF	240
DNMSDTELHD	LLPFFEQLSR	VDDVYSVLRQ	PRPGS*			276

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 257:

- (A) LÄNGE: 139 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 257:

MFYLA AAVSD	FYVPVSEMPE	HKIQSSGGPL	QITMKMVPKL	LSPLVKDWAP	KAFIISFKLE	60
TDPAIVINRA	RKALEIYQHQ	VVVANILESR	QSFVFIIVTKD	SETKLLLSEE	EIEKGVEIEE	120
KIVDNLQSRH	TAFIGDRN*					139

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 258:

- (A) LÄNGE: 238 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein

- (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 258:

PYRQGC	PGAA	GQAPG	APPGS	YYPGL	PSGTP	GGPYG	GGAAPG	GPYQ	PPSS	YGAQ	QPGLY	G	60
QGGAPP	NVDP	EAYSW	FQSVD	SDHSG	YISMK	ELKQ	ALVNCN	WSSF	NDETCL	MMIN	MFDKTK		120
SGRIDV	YGFS	ALWK	FIQWK	NLFQ	QYDRDR	SGSIS	YTELQ	QALS	QMGYNL	SPQT	QLLV	S	180
RYCPRS	SANPA	MQLDR	FIQVC	TQLQ	VLTEAF	REKDT	AVQGN	IRLS	FEDFVT	MTAS	RML*		238

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 259:

(A) LÄNGE: 111 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 259:

TNICLL	SGAS	PKVTN	GWAQI	NFSFA	SHRVA	HCGKP	ELVRT	PVCV	FLIHTN	HNKQ	VCTHLY		60
EPHAK	TRHSQ	RSVTR	VQQRN	SRFD	QNR	PCC	LLNC	QLPL	KN	LQKK	GHYKNS	*	111

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 260:

(A) LÄNGE: 84 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 260:

10 FVKILKFGPL RIILNEIYRL TCENIFHRLS LGLFIRKLFV CPPVGTFGYL ILPFQIVKAH 60  
RGVFWNHLLS HFLKSYSIVS VNI\* 84

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 261:

15 (A) LÄNGE: 197 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 261:

30 PQTTCQVRRR GLWVNSHIHT QGRGKHTQVQ SSQWCRPDLL SRGCYGCPSA SPEQPGQPAP 60  
PPRLXQEGEL CPGEETDRLG DKTPIAGTCT AAATAPRTGH GDGTGREPHC PLSVCLWFCP 120  
GPAHLEPRQT GGIEQGPGPD SPLARCDWKR LMPGQHQAFC KSQSQCAESA STACAVAPQD 180  
EVTSRTGGFM QTHRHC\* 197

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 262:

40 (A) LÄNGE: 191 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 262:

5 DQLGSGGHFS LHRLPEQTEE SSLIVAEPST SPSAVSVCLH KPSCPGRDFI LRSHSTGRAG 60  
TFCTLALGLA EGLVLPWHQP LPVTSGQRAV WTWALLNATC LPGLQVGRTR TEPQAHTEGA 120  
VWLPACPIPM PRPRGCGCCC ACPDGSLSV QPVSFLPRAE LPFLXESGRR CRLSWLLWGS 180  
RGTAITPPGQ \* 191

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 263:

10 (A) LÄNGE: 245 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 263:

25 EKMEAFGEA GWEDFFSTQT LTFQSILQMK NADYFSNYVT EDFTTYINRK RKNNCHGNHI 60  
EMQAMAEMYN RPVEVYQYST EPINTFHGHI QNEDEPIRVS YHRNIHNSV VNPKNATIGV 120  
GLGLPSFKPG FAEQSLMKNA IKTSEESWIE QQMLLEDKKRA TDWEATNEAI EEQVARESIL 180  
QWLRDQEKQA RQVRGPSQPR KASATCSSAT AAASSGLEEW TSRSRQGVQ PRHLSTLSCM 240  
30 LNWA\* 245

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 264:

35 (A) LÄNGE: 221 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 264:

50 GFRPARCDPV PLPTTRSVAG LPVGRVRQLS RPLLGPDTGS VANIFKGLVI LPEMSLVIRN 60  
LQRVIPIRRA PLRSKIEIVR RILGVQKFDL GIICVDNKN I QHINRIYRDR NVPTDVLSFP 120

FHEHLKAGEF PQPDFPDDYN LGDIFLGVEY IFHQCKENED YNDVLTVTAT HGLCHLLGFT 180  
HGTEAEWQQM FQKEKAVLDE LGRRTGTRLQ ALTRGLFGGS \* 221

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 265:

5

- (A) LÄNGE: 109 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 265:

FFFLRSFVIY LCATPAPRSL HPSRVPLSEG TRPSAPSEEA PGQGLQPGPR ASAQLVQHRL 60  
LLEHLLPLC LRAVCESQQV TESVGGRHSQ DVIVIFIFT LMEDILHS\* 109

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 266:

- (A) LÄNGE: 372 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 266:

MSFRKVNIII LVLAVALLFL VLHHNFLSLS SLLRNEVTDS GIVGPQPIDF VPNALRHAVD 60  
GRQEEIPVVI AASEDRLGGA IAAINSIQHN TRSNVIFYIV TLNNTADHLR SWLNSDSLKS 120  
45 IRYKIVNFD P KLLEGKVKED PDQGESMKPL TFARFYLPIL VPSAKKAIYM DDDVIVQGDI 180  
LALYNTALKP GHAAAFSEDC DSASTKVIR GAGNQYNYIG YLDYKKERIR KLSMKASTCS 240  
FNPGVFVANL TEWKRONITN QLEKWMKLVN EEGLYSRTLA GSITTPPLLI VFYQQHSTID 300  
PMWNVRLHGS SAGKRYSPQF VKAAKLLHWN GHLKPWGRTA SYTDVWEKWW IPDPTGKFNL 360  
IRRYTEISNI K\* 372

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 267:



- (A) LÄNGE: 73 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 267:

MCLLSQQSPA ASSLEGAIWR RAGTQTRALD AILYHPQQSH LVGSTALGLT LPLLYPREPE 60  
AQGWKDPVAG GG\* 73

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 268:

- (A) LÄNGE: 137 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 268:

VPPCPQLREL CPGVNNQPYL CESGHCCGET GCCTYYYELW WFWLLWTVLI LFSCCCAFRH 60  
40 RRAKLRLQQQ QRQVEINLLA YHGACHGAGP FPTGSLDLR FLSTFKPPAY EDVVHREPGTT 120  
SPPLYCGPKA PLEVVS 137

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 269:

- (A) LÄNGE: 309 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 269:

10 KHATEQEKE EGLGPNVKG I VTMLMLMLLM MFAVHCTWVT SNAYSSPSVV LASYNHDGTR 60  
NILDDFREAY FWLRQNTDEH ARVMSWWDYG YQIAGMANRT TLVDNNTWNN SHIALVGKAM 120  
SSNETAAYKI MRTLDVDYVL VIFGGVIGYS GDDINKFLWM VRIAEGEHPK DIRESDYFTP 180  
15 QGEFRVDKAG SPTLLNCLMY KMSYYRFGEM QLDFRTPPGF DRTRNAEIGN KDIKFKHLEE 240  
AFTSEHWLVR IYKVKAPDNR ETLDHKPRVT NIFPKQKYL KKTTRKRGY IKNKLVFKKG 300  
KKISKKTV\* 309

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 270:

20 (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 270:

35 IPEDPHIDES KAKHQAIIMS TSLRVSPSIH GYHFDASRK KAVGNIFENT DQESLERLFR 60  
NSGDKKAER AKIIFAIDQD VEEKTRALMA LKKRTKDKLF QFLKLRKYSI KVH\* 114

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 271:

40 (A) LÄNGE: 101 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 271:

QMQHFAATLQ ASLLSGLQRL ERDRDWKGTR TEQTGYKDSK QFHALCCYRG EQNAFSKDLK 60  
TLPSLQERID ADRAWTDVM RTKENRWLEM TFIQGHFVRP \* 101

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 272:

(A) LÄNGE: 21 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 272:

PRIPVTLNMK MVMPSQGLD \* 21

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 273:

(A) LÄNGE: 137 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 273:

CPPVKALIEH EMKNGIPANR IVLGGFSQGG ALSLYTALTC PHPLAGIVAL SCWLPLHRAF 60  
PQAANGSAKD LAIQCHGEL DPMVPVRFGA LTAEKLRVSV TPARVQFKTY PGVMHSSCPQ 120  
50 EMAAVKEFLE KLLPPV\* 137

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 274:

- 5 (A) LÄNGE: 92 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 274:

20 MWVLKLDNRNT MNVKIPPIFC SKKKNPKNKK TNKKPRMFFG ITEISQWVF SYSLECTFFQV 60  
LCFACSTDCV ILIFIDSSLA MQYPCLTHRC L\* 92

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 275:

- 25 (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 275:

40 ETIADNALPS TEITLESPLL GSFDCLTQDV LCHSEVFIWG RSLYGDVNDV VSGLCITSHW 60  
SETPVCQAWI LHCKT\* 76

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 276:

- 45 (A) LÄNGE: 120 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 276:

10

GGKEKTKKIQ LRNRTMIQHL QKASSISLKK ATDCASAGSE KGWAAGTAAS WVTRQQSQRL 60  
GVRLRTPLWP EHKRHWCKL SVTWPSFLSS ISPNICAHPE ELSGNSRVRA GRRGERTKRE 120

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 277:

15

(A) LÄNGE: 113 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 277:

VAPFPIPTQE HRGGGEGRLS LSKSSYLHFR RKAETQSRLY INCLADRVTK THWSTCAFSS 60  
LCPSLIQTAT CQSPATLKTH GOLPGFTKLT AFLHKVKT TT ASVCGPSATT KLS 113

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 278:

(A) LÄNGE: 86 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 278:

5 PYDPACLLIF SLPLPFLSLS SRSHLPGLKY FVGIAYYIIL ADEPQDNVYT HTHTYHTKS 60  
QLLKSGLGIR LLCPVKNSCT EVIVT\* 86

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 279:

10 (A) LÄNGE: 70 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 279:

25 NSFKVVKLA TTWSLSIKRK QGKQTHSLDQ KKLDQVHWNQ SVTTQVTMTS VQEFFTGHRS 60  
LIPSPLFNS\* 70

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 280:

30 (A) LÄNGE: 594 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 280:

45 VSEKCRIDTE ILPSLFMRCT TDLNRKDKFP AITHLKFLAR DMSEQVLLCA SSQTSSIVEC 60  
WSLRKEGLPV NNIFQQISPV VGDKQPTILK WRILSATNDL DRVSAVALPK LPISLTNTDL 120  
KVASDTQFYP GLGLALAFHD GSVHIVHRLS LQTMVAFYSS AAPRPVDEPA MKRPRTAGPA 180  
VHLKAMQLSW TSLALVGIDS HGKLSVLRLS PSMGHPLEVG LALRHLLFLL EYCMVTGYDW 240  
50 WDILLHVQPS MVQSIVEKLH EEYTRQTAAL QQVLSTRILA MKASLCKLSP CTVTRVCDYH 300  
TKLFLIAISS TLKSLLRPHF LNTDPKSPGD RLTEICTKIT DVDIDKVMIN LKTEEFVLDL 360

NTLQALQQLL QWVGDFVLYL LASLPNQGSL LRPGHSFLRD GTSLGMLREL MVVIRIWGLL 420  
KPSCLPVYTA TSDTQDSMSL LFRLLTKLWI CCRDEGPASE PDEALVDECC LLPSQLLIPS 480  
LDWLPASDGL VSRLQPKQPL RLQFGRAPTL PGSAATLQLD GLARAPGQPK IDHLRRLHLG 540  
ACPTTECKAC TRCGCVTMLK SPNRRTAVKQ WEQRWIKNCL CGGLWWRVPL SYP\* 594

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 281:

(A) LÄNGE: 293 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

10

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 281:

LRGTRHQSPH HRQFLIQRCG HCFTAVVLLG DLSMVTQPHL VQALHSSVGQ APRCSLRRWS 60  
25 ILGWPGALAR PSSCRVAALP GSVGARPNCR RRGCLGCRRL TRPSLAGSQS RLGISWLGSL 120  
RQHSSTSASS GSLAGPSSRQ QIQSLVSRRK SRDMLSWVSE VAVYTGRQLG FRRPQMRMTT 180  
INSRSMPSEV PSRRKLWPGL SREPWLGRLA SRYSTKSPTH CKSCCSACSV FMSSTNSSVL 240  
RLIMTLSMST SVILVQISVS RSPGLLSGVL RKWGRSSDFR VELMAMRKSL VW\* 293

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 282:

(A) LÄNGE: 173 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

35

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 282:

TPALRARSRL DRCARAPCPH GGOQRRRRRL NAEGAEGARG GGSSYSEMAE TVADTRRLIT 60  
50 KPQNLNDAYG PPSNFLEIDV SNPQTVGVGR GRFTTYEIRV KTNLPFIKFLK ESTVRRRYS 120  
FEWLRSELER ESKVVVPPLP GKAFRLRQFL EEMMEYLMTI LLRKENKGWS SL\* 173

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 283:

(A) LÄNGE: 107 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 283:

NYLGRFQPQW FNDNKTTKHG TSNSLIKLLS HLFHRMMRFF LFTVSHQGKK NPPTSCLEFF 60  
LMPGISIHCL FKRPMQKKVD KALAQELGLP VVVPGLPCWG VPKSVP\* 107

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 284:

(A) LÄNGE: 105 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 284:

MGNFFFFEPG TCVYAQAGLE LLNSSDPLTS ASQIAETTGT HHCTWLKTIF LKNKSTALHL 60  
YLLVSLQFKH TINDYNILFK AGRSGSWLQL EQFITSGYLR ARKIQ 105

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 285:

(A) LÄNGE: 119 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF



(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 285:

10

TGMGGGSGCR ELLCPCKGAE TPVELRKSDG IYRVLGKPWL CLHHGERPWA GSPPSCRSVR 60  
LDADGGSDQL ASVSLRHEAA FSSGFQSHSG LPMADRVAKV RNGKCIAYVL PSPTKQIT\* 119

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 286:

15

(A) LÄNGE: 110 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 286:

YANQSSSLRF KIKYKLLCFS THSGSIVPEP DCYFFILNII FPHLICLPLI HRHLEKEMGG 60  
CLLSLSLCFV PVRRLAASVA RWALEPWVR QVAGGDRERL RGKWWHLLL\* 110

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 287:

(A) LÄNGE: 75 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 287:

SQLLGRLRQE NHLNSGGRGC SELRSCHCTP AWATRVKLRL KKKKKEMFFI FFMLSIQALF 60  
HGQQVIFHNV DFPK\* 75

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 288:

(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

10

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 288:

RRGFLHVGQA GLEFLTSGDP PASATQSAGI TGISHRERPI LLFIYFLRWS LALFRDLRPL 60  
QPSPLQF 67

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 289:

(A) LÄNGE: 85 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

30

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 289:

STRPRERRNR SVDECQLINV KXRHXLVCLX CFCLYXQPDV VSXEYKXWGL LPQXLFXISX 60  
EKKNDRXXGX IXXARFXST NXNX\* 85

45

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 290:

(A) LÄNGE: 78 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

50

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 290:

15	MSXXDTXWCV XAVFAFTXNP TVFHXTNXG XFYPXLSSXL VKKKKMIGXX XEFXGKPPXQ	60
	ALXKIXSWXX LLSLPXX*	78

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 291:

(A) LÄNGE: 310 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 291:

35	RAASGRSGSS VRMSAPRSRP ASMRWCPAPR RACTTSTRWT GPPCATSTSS ARATRTGPSC	60
	RSAGRARSAS YPPGDVDEIP DWVHQLVIQK LVEHRVIPEG FVNSAVINDY QPGGCIVSHV	120
	DPIHIFERPI VSVSFFSDSA LCFGCKFQFK PIRVSEPVLS LPVRRGSVTV LSGYAADEIT	180
	HCIRPQDIKE RRAVIILRKT RLDAPRLETK SLSSSVLPSS YASDRLSGNN RDPALKPKRS	240
40	HRKADPDAAH RPRILEMDKE ENRRSVLLPT HRRRGSFSSE NYWRKSYESS EDCSEAAGSP	300
	ARKVKMRRH*	310

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 292:

(A) LÄNGE: 192 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 292:

10 SCLPEDDDCS ALLDVLRPYA VSDFISSIST ESHASPAHR QGKHWFRRPN RLELELAEEA 60  
QRRVAKEGHG HDGALEDVDG VHVGHDAAG LVVVDRAVD EALGDDAVLH QLLDHQLMHP 120  
VRDLVDVARR VRGAPGPARA SAAGPRTCSP RRRSTCCAGG PGPPCARCTG PSRRGTPPHR 180  
CGPRSWSTHP D\* 192

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 293:

(A) LÄNGE: 479 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
20 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 293:

35 MGRCCFYTAG TLSLLLLVTS VTLLVARVFQ KAVDQSIEKK IVLRNGTEAF DSWEKPPLPV 60  
YTQFYFFNVT NPPEILRGET PRVEEVGPYT YRELRNKANI QFGDNGTTIS AVSNKAYVFE 120  
RDQSVGDPKI DLIRTLNIPV LTVIEWSQVH FLREIIEAML KAYQQKLFVT HTVDELLWGY 180  
KDEILSLIHV FRPDISPYFG LFYEKNGTND GDYVFLTGED SYLNFTKIVE WNGKTSLDWW 240  
ITDKCNMING TDGDSFHPLI TKDEVLYVFP SDFCRSVYIT FSDYESVQGL PAFRYKVP AE 300  
ILANTSDNAG FCIPEGNCLG SGVLNVSICK NGAPIIMSFP HFYQADERFV SAIEGMHPNQ 360  
40 EDHETFVDIN PLTGIIILKAA KRFQINIYVK KLDDFVETGD IRTMVFPV MY LNESVHIDKE 420  
TASRLKSMIN TTIIITNIPY IIMALGVFFG LVFTWLACKG QGSMDEGTAD ERAPLIRT\* 479

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 294:

45 (A) LÄNGE: 267 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 294:

10 AFLPSPTVAA QAAAREHAGG HSAAKNGATG VELDIEFTSD GIPVLMHDNT VDRTTDGTGR 60  
LCDLTFEQIR KLNPAANHRL RNDFPDEKIP TLREAVAECL NHNLTIFFDV KGHAAKATEA 120  
LKKMYMEFPQ LYNNVVCSEF LPEVIYKMRQ TDRDVITALT HRPWSLSHTG DGKPRYDTFW 180  
KHFI FVMMDI LLDWSMHNIL WYLCGISAFI MQKDFVSPAY LKKWSAKGIQ VVGWTVNTFD 240  
EKSYYESHIG SSIYITDSMVE DCEPHF\* 267

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 295:

(A) LÄNGE: 166 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 295:

35 QILPAFILLF NGLKRAYACH AEHETEELGS DEDDIDEDGQ EYLEILAKQA GEDGDDEDWE 60  
EDDAEETALE GYSTIIDDED NPVDEYQIFK AIFQTIQNRN PVWYQALTHG LNEEQRKQLQ 120  
DIATLADQRR AAHESKMIEK HGGYKFSAPV VPSSFNFGGP APMGN\* 166

**Patentansprüche**

1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert,  
umfassend
  - a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq. ID. No. 3, 4, 6-8, 12, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35, 37, 41-44, 46, 47, 49, 51, 53, 54, 58-64 und 217-247,
  - b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen  
oder
  - c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.
2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID. No. 3, 4, 6-8, 12, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35, 37, 41-44, 46, 47, 49, 51, 53, 54, 58-64 und 217-247, oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.
3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No. 2-4, 6-10, 12-14, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35-37, 39, 41-44, 46, 47, 49, 51-55, 58-64 und 217-247, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Prostatatnormalgewebe erhöht exprimiert sind.
4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 3, 4, 6-8, 12, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35, 37, 41-44, 46, 47, 49, 51, 53, 54, 58-64, 217-247, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.
5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
7. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.
8. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 2500 bp aufweist.
9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 150 bis 2000 bp aufweist.

10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.
- 5 11. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.
- 10 12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.
- 15 13. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 11 und 12, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.
- 20 14. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.
- 25 15. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 14 erhältlich ist.
- 30 16. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.
- 35 17. Wirtszelle gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.
- 40 18. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 16 oder 17, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem *E. coli* und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.
- 45 19. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 16 bis 18 kultiviert werden.
20. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID. No. 3, 4, 6-8, 12, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35, 37, 41-44, 46, 47, 49, 51, 53, 54, 58-64 und 217-247, das gemäß Anspruch 19 erhältlich ist.
21. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.
22. Ein Polypeptid gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß es aus einem Phage-Display stammt.

23. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 66-71, 73-75, 82, 83, 90-93, 97-105, 109, 111-114, 116-124, 128-137, 139-149, 152, 154-165, 168-173, 183-195, 214-216 und bis Seq. ID No. 248-295.
24. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
25. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
26. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 66-71, 73-75, 82, 83, 90-93, 97-105, 109, 111-114, 116-124, 128-137, 139-149, 152, 154-165, 168-173, 183-195, 214-216 und bis Seq. ID No. 248-295, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Prostata-Krebs.
27. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID. No. 3, 4, 6-8, 12, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35, 37, 41-44, 46, 47, 49, 51, 53, 54, 58-64 und 217-247 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Prostata-Krebs verwendet werden können.
28. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID. No. 3, 4, 6-8, 12, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35, 37, 41-44, 46, 47, 49, 51, 53, 54, 58-64 und 217-247 in sense oder antisense Form.
29. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 66-71, 73-75, 82, 83, 90-93, 97-105, 109, 111-114, 116-124, 128-137, 139-149, 152, 154-165, 168-173, 183-195, 214-216 und bis Seq. ID No. 248-295 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Prostata-Krebses.
30. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 66-71, 73-75, 82, 83, 90-93, 97-105, 109, 111-114, 116-124, 128-137, 139-149, 152, 154-165, 168-173, 183-195, 214-216 und bis Seq. ID No. 248-295, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung des Prostata-Krebses.
31. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 66-71, 73-75, 82, 83, 90-93, 97-105, 109, 111-114, 116-124, 128-137, 139-149, 152, 154-165, 168-173, 183-195, 214-216 und bis Seq. ID No. 248-295.
32. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.
33. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist.
34. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der



Sequenzen Seq. ID. No. 3, 4, 6-8, 12, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35, 37, 41-44, 46, 47, 49, 51, 53, 54, 58-64 und 217-247.

- 5      35.    Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 33, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.
- 36.    Verwendung gemäß Anspruch 34, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/ oder Enhancer ist.
- 10    37.    Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 400 bis 1900 bp aufweist.

## Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank

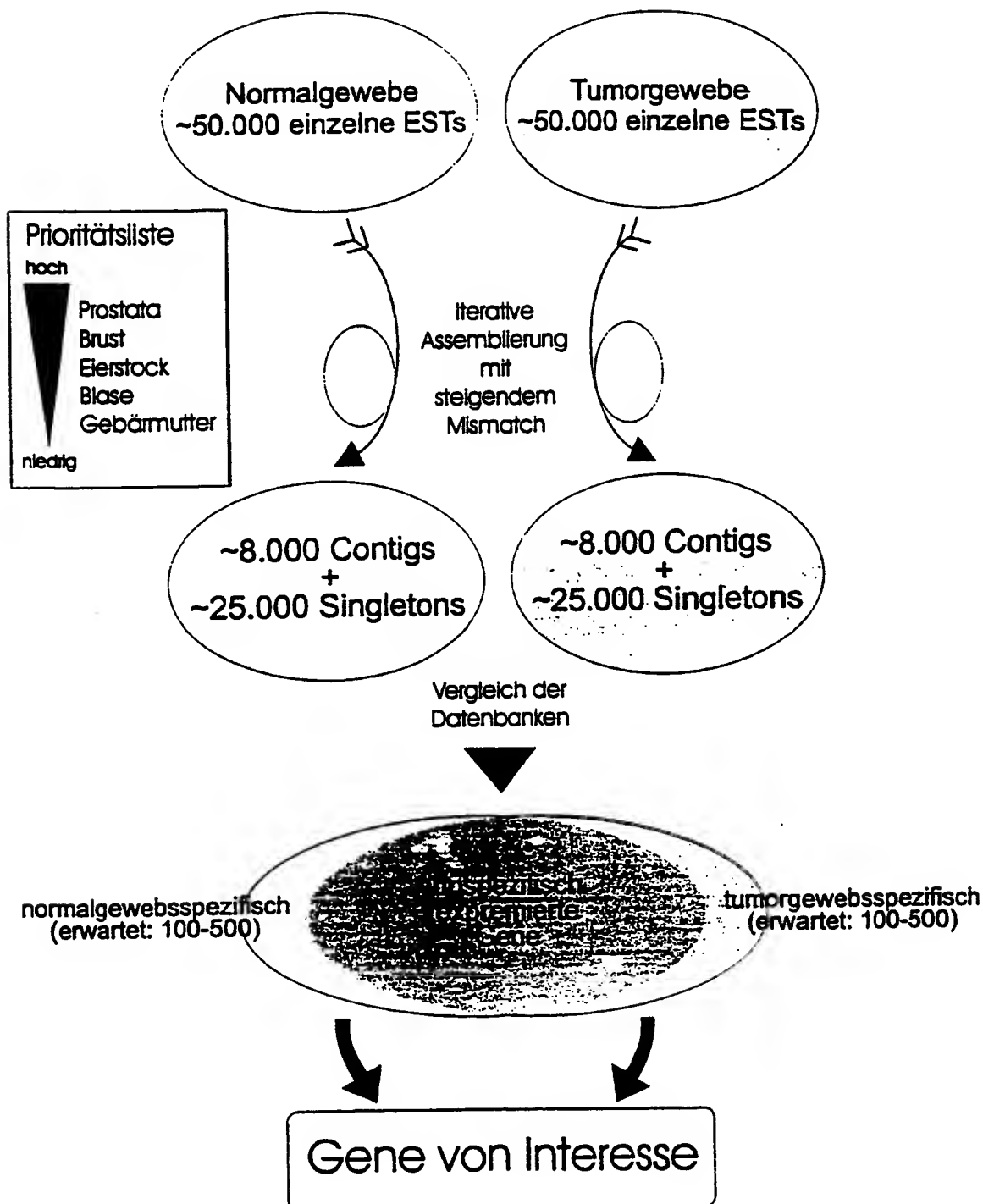


Fig. 1

2/10

# Prinzip der EST-Assemblierung

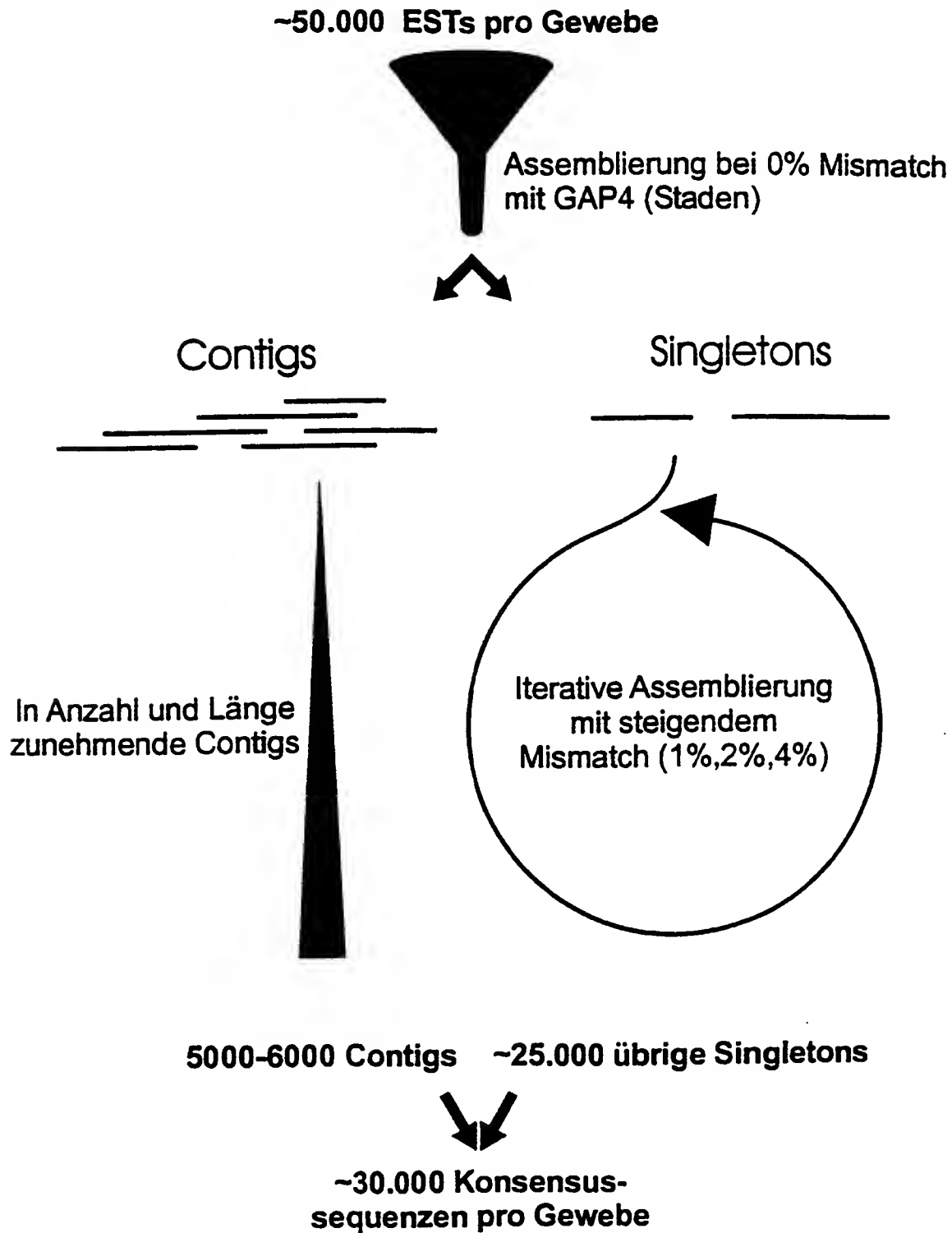


Fig. 2a

3/10

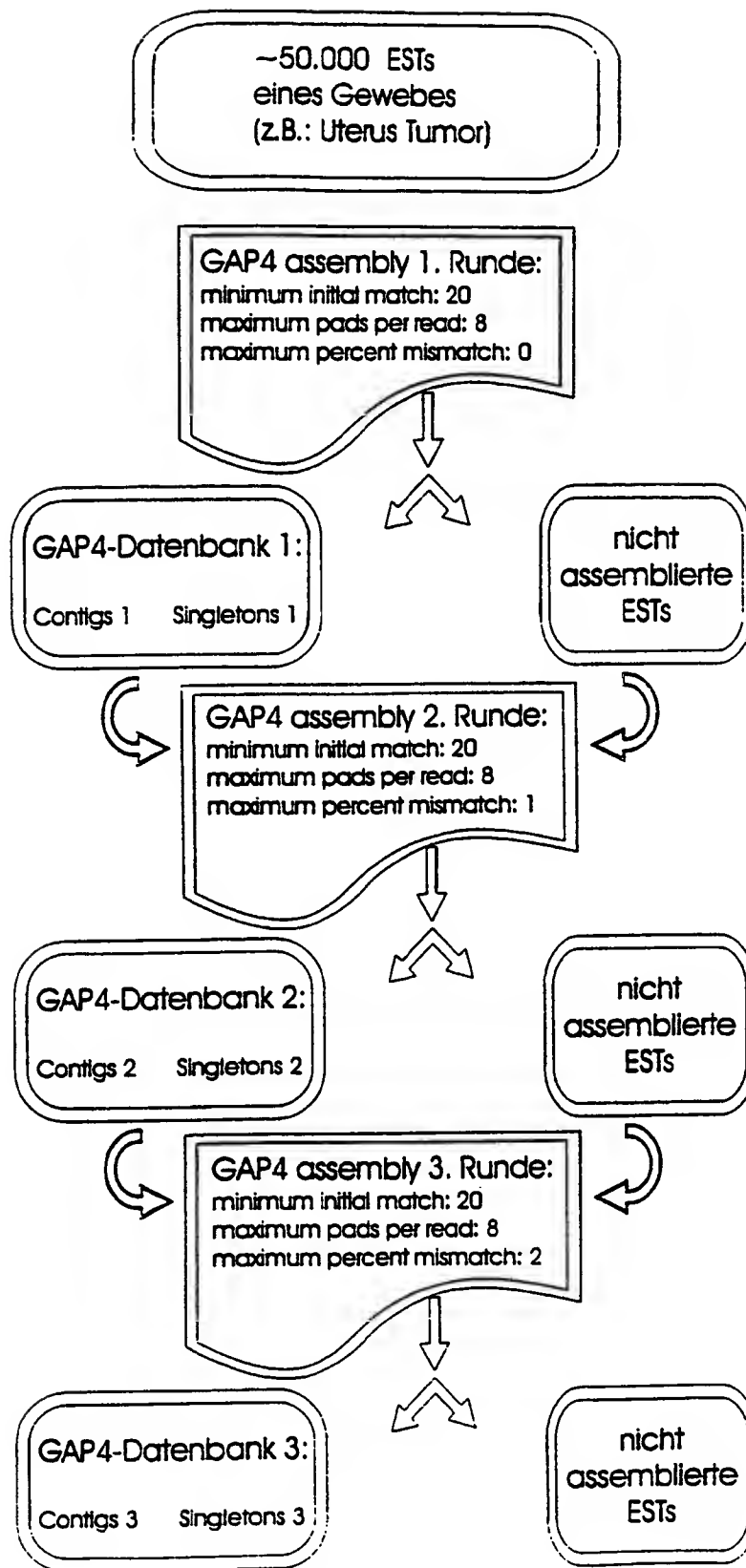


Fig. 2b1

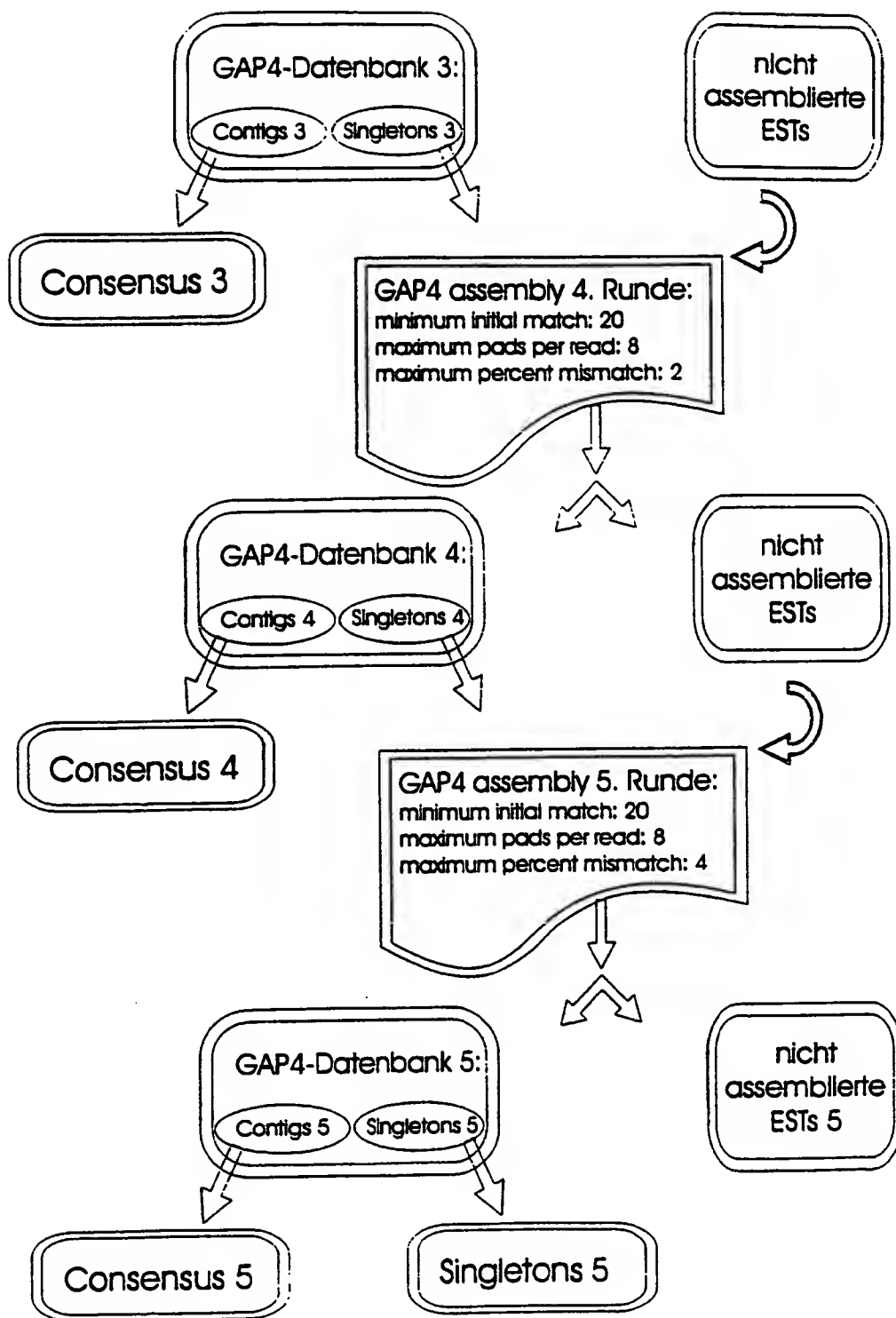


Fig. 2b2

5/10

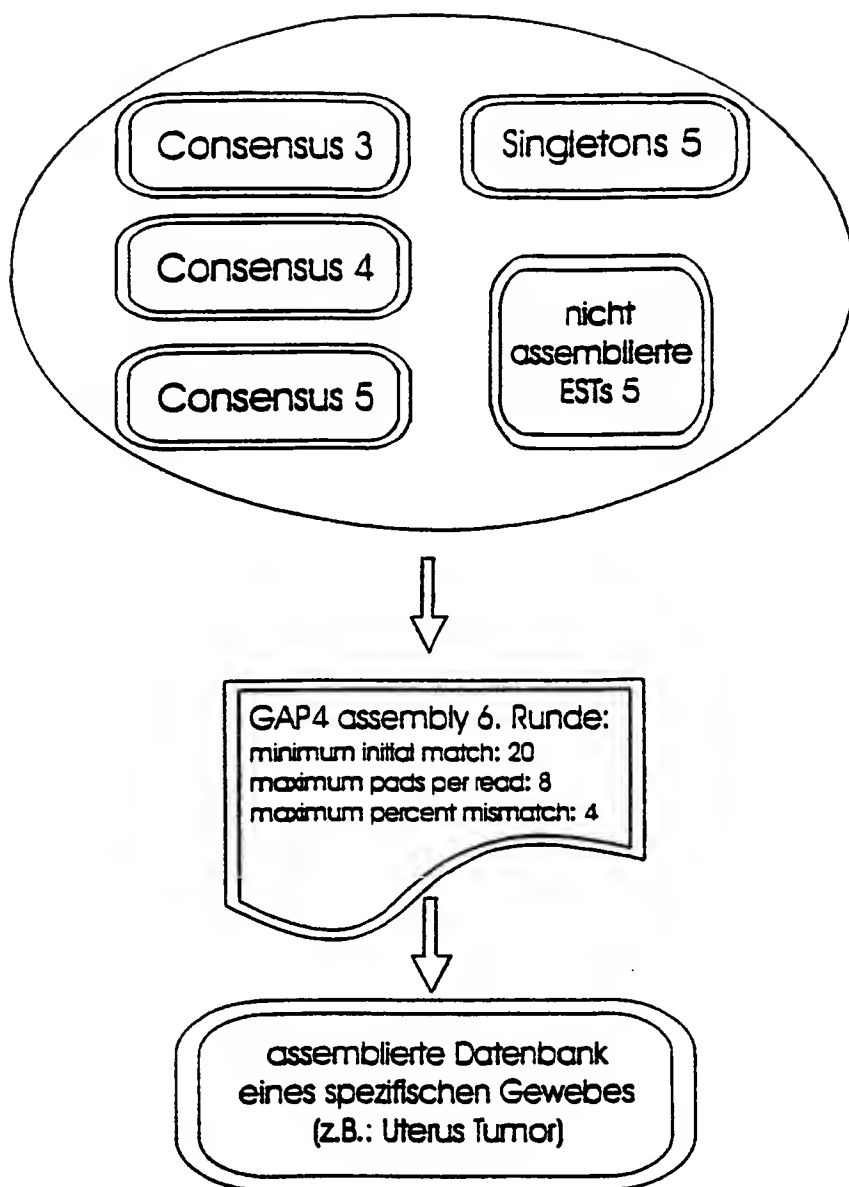


Fig. 2b3

6/10

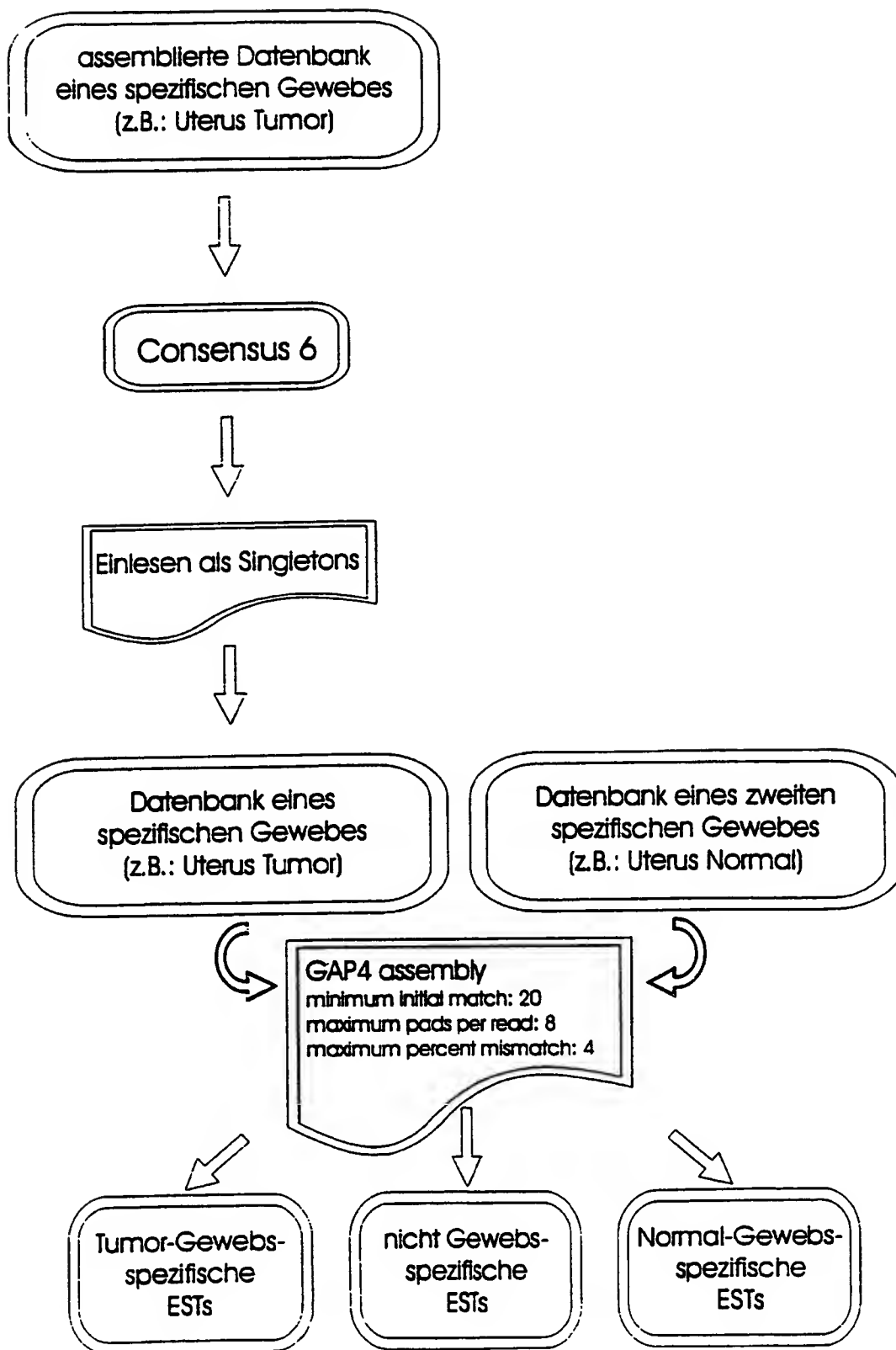


Fig. 2b4

# In silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

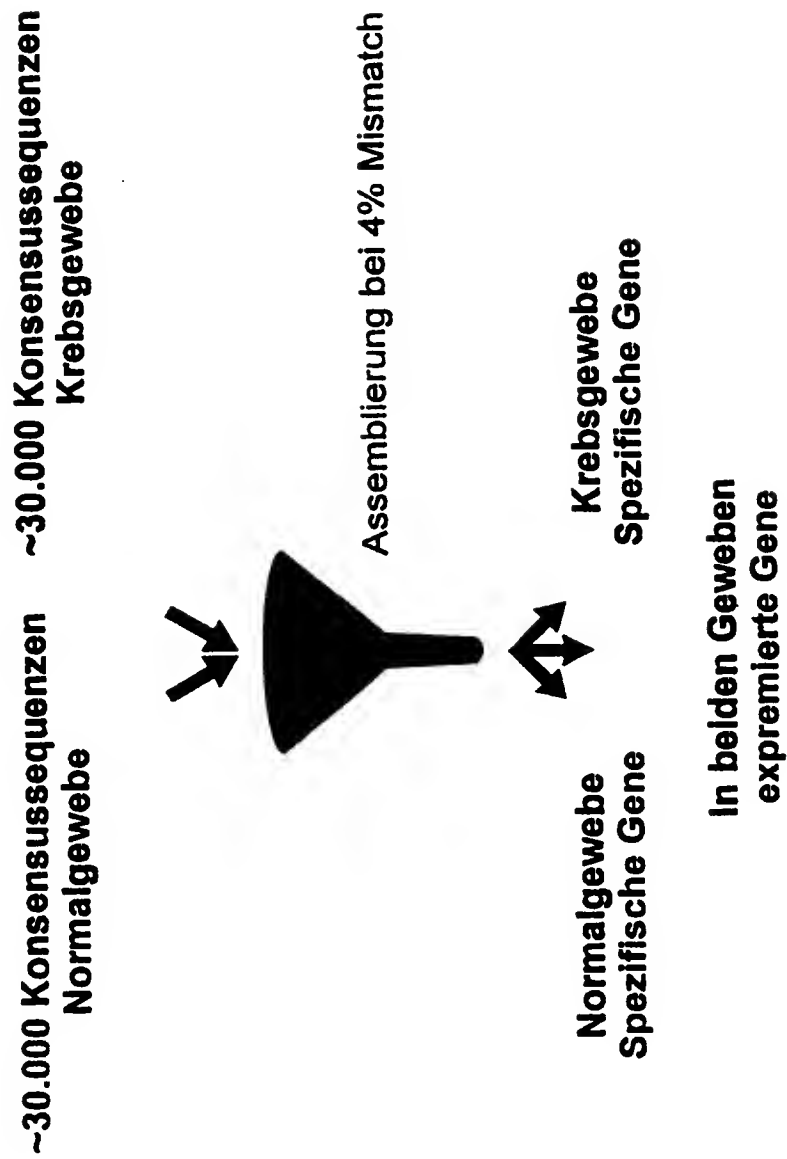


Fig. 3



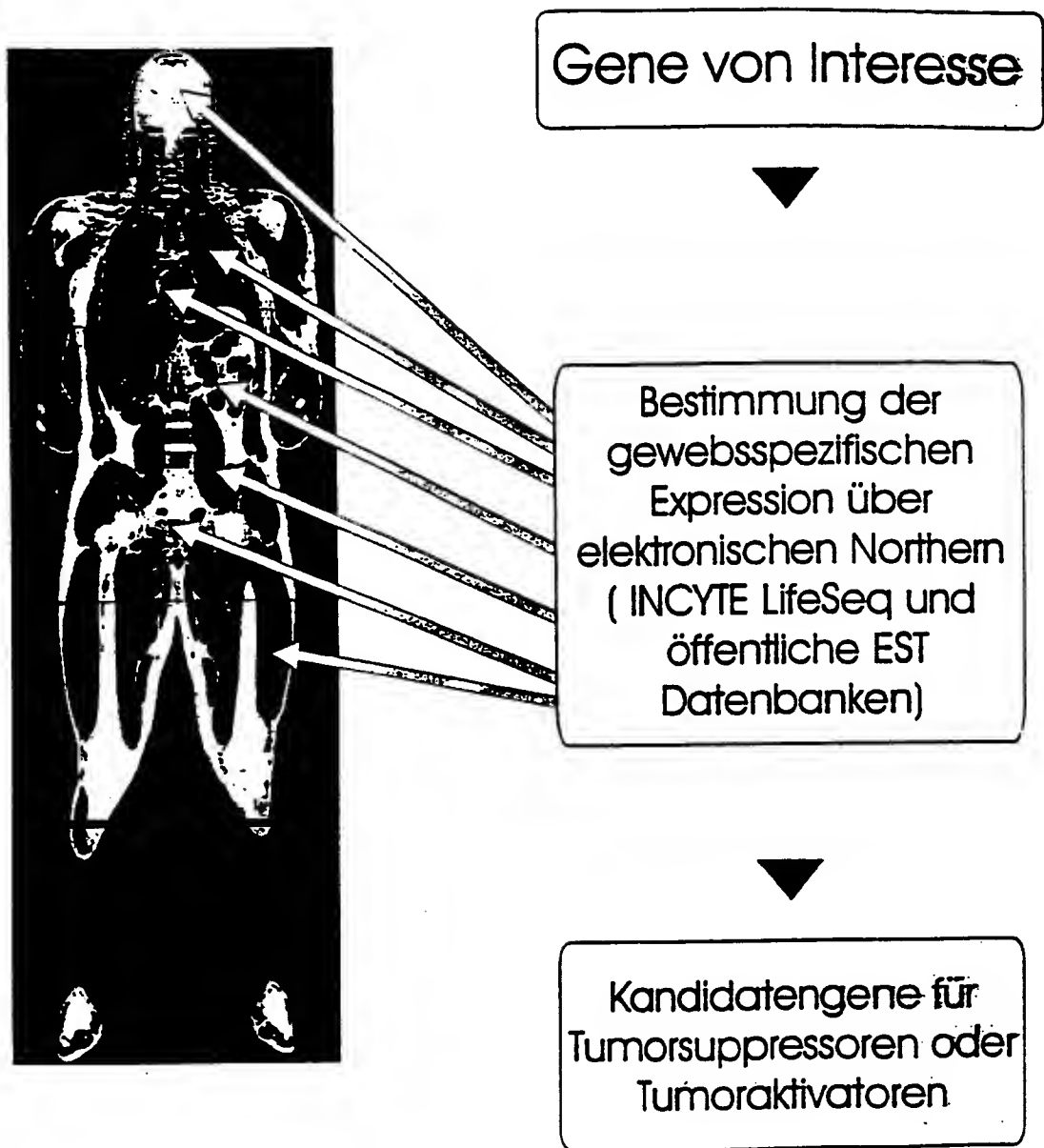


Fig. 4a

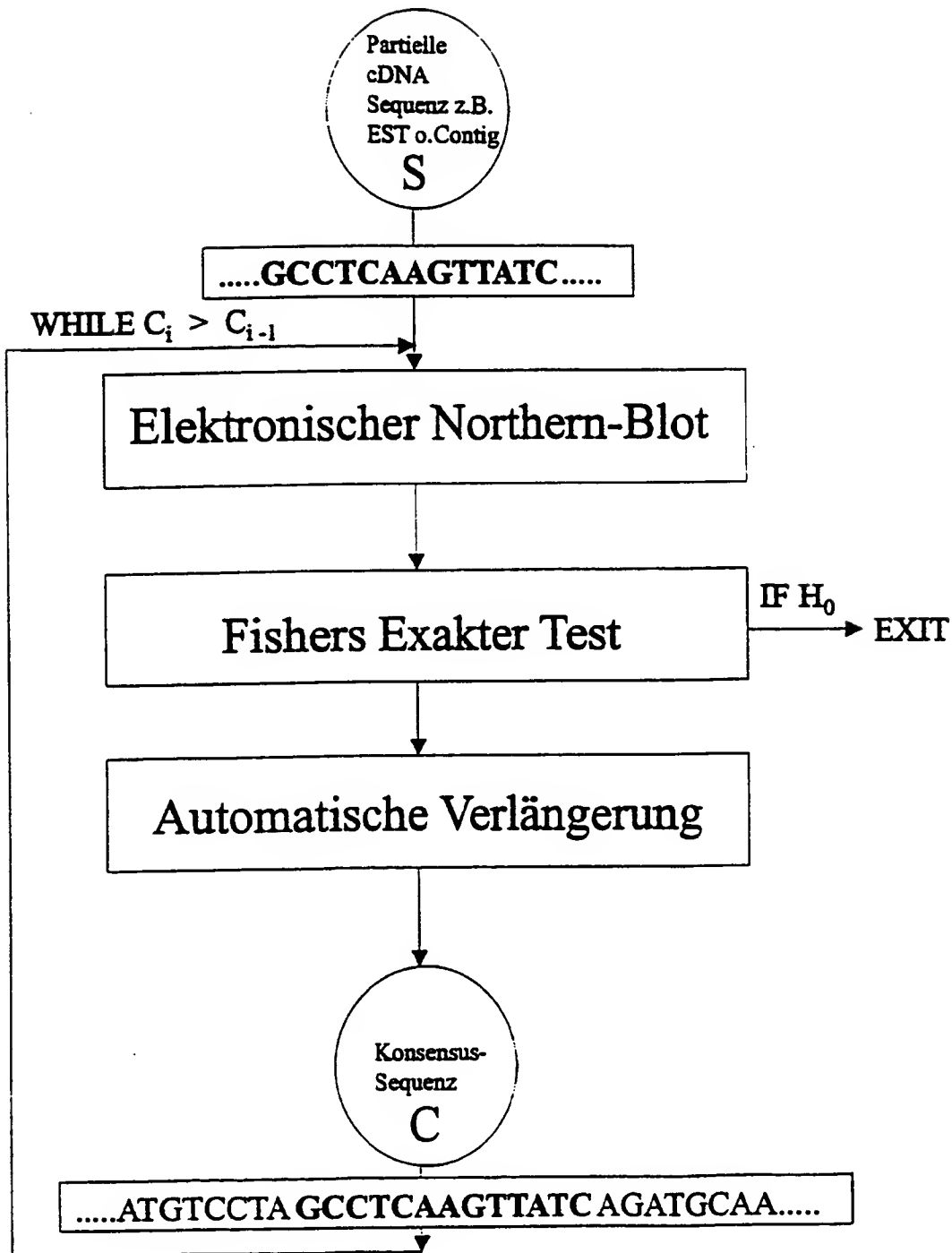


Fig. 4b

10/10

Isolieren von genomischen BAC und PAC Klonen



Chromosomale Klon-Lokalisation über FISH



Hybridisierungssignal



Sequenzierung von Klonen, die in Regionen lokalisiert sind, die chromosomale Deletionen in Prostata- und Brustkrebs aufweisen, führt zur Identifizierung von Kandidatengenen



Bestätigung der Kandidatengene durch Screening von Mutationen und/oder Deletionen in Krebsgeweben

Fig. 5